

PCTWELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

| | | |
|---|-----------|---|
| (51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/00 | A2 | (11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/53040 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 21. Oktober 1999 (21.10.99) |
| (21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01087 (22) Internationales Anmeldedatum: 7. April 1999 (07.04.99) (30) Prioritätsdaten: 198 17 557.4 9. April 1998 (09.04.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META- GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE). | | (81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i> |
| (54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM OVARIAN TUMOUR TISSUE (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS OVARTUMORGEWEBE (57) Abstract The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genome sequences – of ovarian tumour tissue, which code for gene products or parts of these products, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtained by way of these sequences and to the use of same. (57) Zusammenfassung Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Ovariumgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben. | | |

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

| | | | | | | | |
|----|------------------------------|----|--------------------------------------|----|--|----|-----------------------------------|
| AL | Albanien | ES | Spanien | LS | Lesotho | SI | Slowenien |
| AM | Armenien | FI | Finnland | LT | Litauen | SK | Slowakei |
| AT | Österreich | FR | Frankreich | LU | Luxemburg | SN | Senegal |
| AU | Australien | GA | Gabun | LV | Lettland | SZ | Swasiland |
| AZ | Aserbaidschan | GB | Vereinigtes Königreich | MC | Monaco | TD | Tschad |
| BA | Bosnien-Herzegowina | GE | Georgien | MD | Republik Moldau | TG | Togo |
| BB | Barbados | GH | Ghana | MG | Madagaskar | TJ | Tadschikistan |
| BE | Belgien | GN | Guinea | MK | Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien | TM | Turkmenistan |
| BF | Burkina Faso | GR | Griechenland | | | TR | Türkei |
| BG | Bulgarien | HU | Ungarn | ML | Mali | TT | Trinidad und Tobago |
| BJ | Benin | IE | Irland | MN | Mongolei | UA | Ukraine |
| BR | Brasilien | IL | Israel | MR | Mauritanien | UG | Uganda |
| BY | Belarus | IS | Island | MW | Malawi | US | Vereinigte Staaten von Amerika |
| CA | Kanada | IT | Italien | MX | Mexiko | | |
| CF | Zentralafrikanische Republik | JP | Japan | NE | Niger | UZ | Usbekistan |
| CG | Kongo | KE | Kenia | NL | Niederlande | VN | Vietnam |
| CH | Schweiz | KG | Kirgisistan | NO | Norwegen | YU | Jugoslawien |
| CI | Côte d'Ivoire | KP | Demokratische Volksrepublik Korea | NZ | Neuseeland | ZW | Zimbabwe |
| CM | Kamerun | | | PL | Polen | | |
| CN | China | KR | Republik Korea | PT | Portugal | | |
| CU | Kuba | KZ | Kasachstan | RO | Rumänien | | |
| CZ | Tschechische Republik | LC | St. Lucia | RU | Russische Föderation | | |
| DE | Deutschland | LI | Liechtenstein | SD | Sudan | | |
| DK | Dänemark | LK | Sri Lanka | SE | Schweden | | |
| EE | Estland | LR | Liberia | SG | Singapur | | |

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovariumtumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovariumtumorgewebe,
5 die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die
mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.
Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und
deren Verwendung.

10 Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist das Ovarialkarzinom, für dessen
Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B.
Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes,
führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression
gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten
Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die
Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer
20 Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine
Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das
Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder
Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher
Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen
25 Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die
experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d.h. Genen, die im Vergleich zum
Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank
verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags)
30 sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also,
die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für
normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von
verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-
Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350
35 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares
Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide).
Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können
ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind.
Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der
40 cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen
eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein
völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe.
Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit
die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

45 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn
zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die
Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende
ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1,
Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich
50 größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene
Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Ovarialkarzinom eine Rolle spielen.

10

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

15

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273.

20

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

25

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

30

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

35

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, die im Ovariumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.

40

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 hybridisieren.

45

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

50

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer

dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

- 5 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, 10 pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu 15 verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda P_R, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

- 20 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 30 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den 35 Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 40 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

- 45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. 50 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 124-257, 274-307.

5

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 124-257, 274-307 aufweisen.

- 10 Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

15

Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

- 20 Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

- 25 Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

Die Erfindung betrifft auch Phage-Display Phagen, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 kodiert werden.

30

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-305 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

- 35 Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

- 40 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-305 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.

- 45 Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 124-257, 274-305 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

50

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

5

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

10

15

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

20 Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).

25

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

30

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

35

Modul = Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt

N = wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C

40

X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

45 Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

50

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

5 Erklärung der Abbildungen

- Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
- 10 Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in
15 verschiedenen Geweben
- Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
- 20 Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern
- Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Ovartumorgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schaffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 68 gefunden, die 6,08 .x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|--------------------------|--------------|---------------|--------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| | Blase 0.0195 | 0.0179 | 1.0896 | 0.9178 |
| | Brust 0.0141 | 0.0244 | 0.5758 | 1.7366 |
| 40 | Duennndarm 0.0184 | 0.0165 | 1.1122 | 0.8991 |
| | Eierstock 0.0030 | 0.0182 | 0.1645 | 6.0803 |
| | Endokrines Gewebe 0.0136 | 0.0226 | 0.6038 | 1.6562 |
| | Gastrointestinal 0.0211 | 0.0185 | 1.1390 | 0.8780 |
| | Gehirn 0.0126 | 0.0082 | 1.5299 | 0.6536 |
| 45 | Haematopoetisch 0.0080 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut 0.0110 | 0.0847 | 0.1300 | 7.6946 |
| | Hepatisch 0.0095 | 0.0065 | 1.4706 | 0.6800 |
| | Herz 0.0233 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 50 | Lunge 0.0062 | 0.0143 | 0.4355 | 2.2964 |
| | Magen-Speiserohre 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef |
| | Niere 0.0054 | 0.0068 | 0.7930 | 1.2610 |
| | Pankreas 0.0066 | 0.0055 | 1.1966 | 0.8357 |
| 55 | Penis 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |

| | | | | | |
|----|-------------------------------------|--------|--------|--------|--------|
| | Prostata | 0.0153 | 0.0043 | 3.5827 | 0.2791 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0136 | 0.5611 | 1.7821 |
| 5 | Uterus_allgemein | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0384 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0149 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| 10 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0147 | | | |
| | Zervix | 0.0426 | | | |
| | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| 15 | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| 20 | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0178 | | | |
| | Lunge | 0.0108 | | | |
| | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| 25 | Placenta | 0.0121 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 35 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0047 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0244 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0259 | | | |
| 40 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0040 | | | |
| | Prostata | 0.0479 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 45 | Uterus_n | 0.0083 | | | |

2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 86 gefunden, die 7,82 x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

| | | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--|--------------|--|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N |
| | Blase | 0.0117 | | 0.0128 | | 0.9153 | 1.0926 |
| | Brust | 0.0090 | | 0.0169 | | 0.5293 | 1.8893 |
| 15 | Duennndarm | 0.0092 | | 0.0331 | | 0.2781 | 3.5964 |
| | Eierstock | 0.0030 | | 0.0234 | | 0.1279 | 7.8175 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0204 | | 0.0426 | | 0.4795 | 2.0856 |
| | Gastrointestinal | 0.0211 | | 0.0185 | | 1.1390 | 0.8780 |
| | Gehirn | 0.0274 | | 0.0195 | | 1.4020 | 0.7133 |
| 20 | Haematopoetisch | 0.0107 | | 0.1136 | | 0.0941 | 10.6267 |
| | Haut | 0.0184 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | | 0.0194 | | 0.2451 | 4.0800 |
| | Herz | 0.0307 | | 0.0137 | | 2.2358 | 0.4473 |
| | Hoden | 0.0115 | | 0.0819 | | 0.1406 | 7.1142 |
| 25 | Lunge | 0.0104 | | 0.0286 | | 0.3629 | 2.7557 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0290 | | 0.0153 | | 1.8908 | 0.5289 |
| | Muskel-Skelett | 0.0188 | | 0.0300 | | 0.6282 | 1.5918 |
| | Niere | 0.0163 | | 0.0342 | | 0.4758 | 2.1016 |
| | Pankreas | 0.0132 | | 0.0110 | | 1.1966 | 0.8357 |
| 30 | Penis | 0.0150 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0174 | | 0.0234 | | 0.7445 | 1.3433 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0270 | | 0.5277 | | 0.0512 | 19.5264 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0229 | | 0.0408 | | 0.5611 | 1.7821 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| 35 | Brust-Hyperplasie | 0.0160 | | | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0297 | | | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0353 | | | | | |
| 40 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0095 | | | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | FOETUS | | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | | | |
| 45 | Entwicklung | 0.0696 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0167 | | | | | |
| | Gehirn | 0.0626 | | | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0079 | | | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | | | |
| 50 | Hepatisch | 0.0000 | | | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0285 | | | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | | | |
| 55 | Placenta | 0.0303 | | | | | |
| | Prostata | 0.0997 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0126 | | | | | |
| | | | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | | | |
| 60 | Brust | 0.0000 | | | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | | | |
| 65 | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | | | |

| | | |
|----|------------------|--------|
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0097 |
| | Hoden | 0.0000 |
| 5 | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0010 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0155 |
| 10 | Uterus_n | 0.0000 |

2.1.3

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID
 15 No. 114 gefunden, die 6,94.x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe
 vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

20 Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 25 | Blase 0.0117 | 0.0026 | 4.5763 | 0.2185 |
| | Brust 0.0026 | 0.0075 | 0.3403 | 2.9389 |
| | Duennndarm 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock 0.0030 | 0.0208 | 0.1439 | 6.9489 |
| | Endokrines_Gewebe 0.0085 | 0.0025 | 3.3962 | 0.2944 |
| 30 | Gastrointestinal 0.0057 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 35 | Herz 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge 0.0083 | 0.0102 | 0.8129 | 1.2302 |
| | Magen-Speiserohre 0.0193 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 40 | Niere 0.0136 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata 0.0065 | 0.0064 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 45 | Uterus_Myometrium 0.0305 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0089 | | | |
| | Samenblase 0.0445 | | | |
| 50 | Sinnesorgane 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen 0.0000 | | | |
| | Zervix 0.0213 | | | |
| 55 | FOETUS | | | |
| | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal 0.0000 | | | |
| | Gehirn 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch 0.0000 | | | |
| | Haut 0.0000 | | | |
| | Hepatisch 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse 0.0000 | | | |
| | Lunge 0.0000 | | | |
| 65 | Nebenniere 0.0000 | | | |
| | Niere 0.0062 | | | |

Placenta 0.0000
 Prostata 0.0000
 Sinnesorgane 0.0000

5

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
 %Haeufigkeit

Brust 0.0136
 Eierstock_n 0.0000
 Eierstock_t 0.1418
 10 Endokrines_Gewebe 0.0000
 Foetal 0.0047
 Gastrointestinal 0.0244
 Haematopoetisch 0.0000
 15 Haut-Muskel 0.0000
 Hoden 0.0154
 Lunge 0.0000
 Nerven 0.0000
 Prostata 0.0137
 20 Sinnesorgane 0.0000
 Uterus_n 0.0000

25 In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

| | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 30 | Blase 0.0078 | 0.0077 | 1.0170 | 0.9833 |
| | Brust 0.0179 | 0.0075 | 2.3818 | 0.4198 |
| | Duennndarm 0.0092 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock 0.0120 | 0.0364 | 0.3289 | 3.0402 |
| 35 | Endokrines_Gewebe 0.0119 | 0.0100 | 1.1887 | 0.8413 |
| | Gastrointestinal 0.0134 | 0.0139 | 0.9664 | 1.0348 |
| | Gehirn 0.0059 | 0.0103 | 0.5760 | 1.7362 |
| | Haematopoetisch 0.0080 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 40 | Hepatisch 0.0095 | 0.0129 | 0.7353 | 1.3600 |
| | Herz 0.0148 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden 0.0000 | 0.0351 | 0.0000 | undef |
| | Lunge 0.0052 | 0.0164 | 0.3175 | 3.1494 |
| | Magen-Speiserohre 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 45 | Muskel-Skelett 0.0120 | 0.0120 | 0.9994 | 1.0006 |
| | Niere 0.0109 | 0.0068 | 1.5861 | 0.6305 |
| | Pankreas 0.0017 | 0.0110 | 0.1496 | 6.6857 |
| | Penis 0.0180 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata 0.0065 | 0.0106 | 0.6142 | 1.6282 |
| 50 | Uterus_Endometrium 0.0203 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium 0.0076 | 0.0068 | 1.1223 | 0.8911 |
| | Uterus_allgemein 0.0204 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie 0.0160 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie 0.0089 | | | |
| 55 | Samenblase 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen 0.0061 | | | |
| | Zervix 0.0000 | | | |

60

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung 0.0000
 Gastrointestinal 0.0083
 65 Gehirn 0.0125
 Haematopoetisch 0.0157
 Haut 0.0000
 Hepatisch 0.0000

| | | |
|----|-------------------------------------|--------|
| | Herz-Blutgefäesse | 0.0142 |
| | Lunge | 0.0145 |
| | Nebenniere | 0.0254 |
| | Niere | 0.0000 |
| 5 | Placenta | 0.0061 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 10 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
| | %Häufigkeit | |
| | Brust | 0.0136 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 15 | Endokrines_Gewebe | 0.0245 |
| | Foetal | 0.0070 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0057 |
| | Haut-Muskel | 0.0032 |
| 20 | Hoden | 0.0154 |
| | Lunge | 0.0164 |
| | Nerven | 0.0141 |
| | Prostata | 0.0205 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| 25 | Uterus_n | 0.0083 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0026 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0182 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0015 | 0.0010 | 1.4399 | 0.6945 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 | 2.0326 |
| | Lunge | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 35 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 40 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 45 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 50 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 55 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 60 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 65 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

| | | |
|----|-------------------|--------|
| 55 | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0035 |
| 60 | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0171 |
| | Haut-Muskel | 0.0194 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0082 |
| 65 | Nerven | 0.0020 |
| | Prostata | 0.0137 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| | Uterus_n | 0.0000 |
| | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0117 | 0.0026 | 4.5763 | 0.2185 |
| | Brust | 0.0064 | 0.0019 | 3.4026 | 0.2939 |
| | Duenndarm | 0.0092 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0130 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0075 | 0.4528 | 2.2083 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0093 | 0.0000 | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0085 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.1908 | 0.0267 | 37.4714 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0178 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0064 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0572 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0075 | 0.4528 | 2.2083 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0093 | 0.2071 | 4.8289 |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0021 | 1.0799 | 0.9260 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0379 | 0.0353 | 28.3379 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0104 | 0.0041 | 2.5402 | 0.3937 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0083 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0035 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0278 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0142 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0251 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0093 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0114 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0060 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0208 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0130 | 0.0000 | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0012 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0128 | 0.3051 | 3.2777 |
| | Brust | 0.0141 | 0.0075 | 1.8715 | 0.5343 |
| | Duenndarm | 0.0123 | 0.0165 | 0.7415 | 1.3487 |
| | Eierstock | 0.0120 | 0.0390 | 0.3070 | 3.2573 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0290 | 0.0376 | 0.7698 | 1.2990 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0211 | 0.0324 | 0.6508 | 1.5365 |
| | Gehirn | 0.0126 | 0.0144 | 0.8742 | 1.1439 |
| | Haematopoetisch | 0.0174 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0194 | 0.2451 | 4.0800 |
| 15 | Herz | 0.0106 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0173 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0218 | 0.0204 | 1.0669 | 0.9373 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0153 | 1.2605 | 0.7933 |
| | Muskel-Skelett | 0.0137 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0190 | 0.0205 | 0.9252 | 1.0808 |
| | Pankreas | 0.0099 | 0.0110 | 0.8974 | 1.1143 |
| | Penis | 0.0150 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0109 | 0.0106 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0408 | 0.3741 | 2.6732 |
| | Uterus_allgemein | 0.0306 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0192 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0208 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0217 | | | |
| | Zervix | 0.0319 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0557 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0167 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0213 | | | |
| | Lunge | 0.0181 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0185 | | | |
| | Placenta | 0.0121 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0251 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 55 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0476 | | | |
| | Eierstock_n | 0.3190 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| 60 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0151 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 65 | Hoden | 0.0309 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0010 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0310 | | | |
| | Uterus_n | 0.0458 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0026 | 0.0113 | 0.2268 | 4.4083 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0331 | 0.0927 | 10.7893 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0182 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0050 | 1.0189 | 0.9815 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0139 | 0.4142 | 2.4145 |
| | Gehirn | 0.0030 | 0.0010 | 2.8798 | 0.3472 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0062 | 0.0123 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0163 | 0.0205 | 0.7930 | 1.2610 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0055 | 0.2991 | 3.3428 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0052 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0120 | | | |
| | Prostata | 0.0205 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0077 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0064 | 0.0038 | 1.7013 | 0.5878 |
| | Duenndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0156 | 0.0000 | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0125 | 0.5434 | 1.8403 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0046 | 0.0000 | undef |
| | Gehirn | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| | Herz | 0.0042 | 0.0137 | 0.3084 | 3.2426 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Lunge | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef |
| | Niere | 0.0054 | 0.0068 | 0.7930 | 1.2610 |
| 25 | Pankreas | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0111 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0130 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0020 | | | |
| | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0333 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

| | | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------|--------------|---------|---------------|-----|
| | | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| | Brust | 0.0038 | 0.0019 | 2.0416 | 0.4898 | | |
| | Duenn darm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0208 | 0.0000 | undef | | |
| | Endokrines Gewebe | 0.0034 | 0.0201 | 0.1698 | 5.8889 | | |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Gehirn | 0.0081 | 0.0072 | 1.1314 | 0.8839 | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| 15 | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0020 | 0.5080 | 1.9684 | | |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Niere | 0.0054 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0043 | 1.5354 | 0.6513 | | |
| 25 | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.1583 | 0.0427 | 23.4317 | | |
| | Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0149 | | | | | |
| 30 | Samenblase | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | | | |
| 45 | Lunge | 0.0036 | | | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| | | | | | | | |
| 55 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | | | |
| 60 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | | |
| | Foetal | 0.0093 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0057 | | | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | | | |
| 65 | Hoden | 0.0309 | | | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | | | |
| | Nerven | 0.0100 | | | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0077 | | | | | |
| | Uterus_n | 0.0250 | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0013 | 0.0019 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0182 | 0.0000 | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0125 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0023 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0026 | 6.1018 | 0.1639 |
| | Brust | 0.0102 | 0.0038 | 2.7221 | 0.3674 |
| | Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0208 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0170 | 0.0201 | 0.8491 | 1.1778 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0126 | 0.0072 | 1.7485 | 0.5719 |
| | Haematopoetisch | 0.0080 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0220 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0065 | 0.7353 | 1.3600 |
| 15 | Herz | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0173 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0093 | 0.0061 | 1.5241 | 0.6561 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0137 | 0.0180 | 0.7615 | 1.3133 |
| 20 | Niere | 0.0054 | 0.0479 | 0.1133 | 8.8268 |
| | Pankreas | 0.0083 | 0.0055 | 1.4957 | 0.6686 |
| | Penis | 0.0150 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0087 | 0.0021 | 4.0945 | 0.2442 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0381 | 0.0068 | 5.6113 | 0.1782 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0095 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0083 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0118 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0247 | | | |
| | Placenta | 0.0182 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0082 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0259 | | | |
| | Hoden | 0.0154 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0040 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0205 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0026 | 0.0019 | 1.3611 | 0.7347 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0156 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0020 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0021 | 2.0473 | 0.4885 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0012 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0020 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

| | | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|------------------------|-----------------------|---------------|--------|
| | | | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0026 | 1.5254 | 0.6555 |
| | Brust | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0156 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0025 | 1.3585 | 0.7361 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0015 | 0.0010 | 1.4399 | 0.6945 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0095 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0020 | 1.0161 | 0.9842 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0086 | 0.0120 | 0.7139 | 1.4008 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0087 | 0.0064 | 1.3648 | 0.7327 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0035 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0017 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0010 | | | |
| | Prostata | 0.0137 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0117 | 0.0179 | 0.6538 | 1.5296 |
| | Brust | 0.0307 | 0.0226 | 1.3611 | 0.7347 |
| | Duennndarm | 0.0215 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0090 | 0.0338 | 0.2657 | 3.7640 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0050 | 0.6792 | 1.4722 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0192 | 0.0185 | 1.0354 | 0.9658 |
| | Gehirn | 0.0074 | 0.0133 | 0.5538 | 1.8057 |
| | Haematopoetisch | 0.0067 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0257 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0065 | 0.7353 | 1.3600 |
| 15 | Herz | 0.0148 | 0.0137 | 1.0794 | 0.9265 |
| | Hoden | 0.0115 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0353 | 0.0164 | 2.1591 | 0.4631 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0387 | 0.0077 | 5.0421 | 0.1983 |
| | Muskel-Skelett | 0.0154 | 0.0120 | 1.2850 | 0.7782 |
| 20 | Niere | 0.0163 | 0.0274 | 0.5948 | 1.6813 |
| | Pankreas | 0.0198 | 0.0166 | 1.1966 | 0.8357 |
| | Penis | 0.0090 | 0.0267 | 0.3369 | 2.9678 |
| | Prostata | 0.0196 | 0.0064 | 3.0709 | 0.3256 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0338 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0384 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| | Samenblase | 0.0178 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0353 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0182 | | | |
| | Zervix | 0.0426 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0249 | | | |
| | Lunge | 0.0181 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0499 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0126 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0136 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.1595 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0041 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0244 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0114 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0130 | | | |
| | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0110 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0274 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0458 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

| | | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|------------------------|-----------------------|---------------|--------|
| | | | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duenn darm | 0.0031 | 0.0165 | 0.1854 | 5.3946 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0234 | 0.1279 | 7.8175 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0125 | 0.0000 | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0046 | 0.0000 | undef |
| | Gehirn | 0.0044 | 0.0021 | 2.1599 | 0.4630 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0065 | 0.7353 | 1.3600 |
| | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| 20 | Lunge | 0.0104 | 0.0041 | 2.5402 | 0.3937 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0083 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0021 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0319 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0251 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0203 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0128 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0259 | | | |
| | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0100 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0333 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0019 | 0.0000 | undef |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0130 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0050 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0029 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0020 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0019 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duenndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0208 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0030 | 0.0021 | 1.4399 | 0.6945 |
| | Haematopoetisch | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0032 | 0.0137 | 0.2313 | 4.3235 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0073 | 0.0020 | 3.5562 | 0.2812 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0021 | 2.0473 | 0.4885 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0061 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0029 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0171 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0130 | 0.0000 | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0015 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0020 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0155 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0165 | 0.0000 | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0156 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0051 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0051 | 0.0019 | 2.7221 | 0.3674 |
| | Duendarm | 0.0031 | 0.0331 | 0.0927 | 10.7893 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0182 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0100 | 0.3396 | 2.9444 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0096 | 0.0093 | 1.0354 | 0.9658 |
| | Gehirn | 0.0059 | 0.0021 | 2.8798 | 0.3472 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0379 | 0.0000 | undef |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0129 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0042 | 0.0061 | 0.6774 | 1.4763 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0137 | 0.1983 | 5.0439 |
| | Pankreas | 0.0099 | 0.0055 | 1.7949 | 0.5571 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | 0.0077 | 2.5424 | 0.3933 |
| | Brust | 0.0064 | 0.0075 | 0.8507 | 1.1756 |
| | Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0130 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0153 | 0.0226 | 0.6792 | 1.4722 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0077 | 0.0093 | 0.8283 | 1.2072 |
| | Gehirn | 0.0081 | 0.0092 | 0.8800 | 1.1364 |
| | Haematopoetisch | 0.0067 | 0.0379 | 0.1764 | 5.6676 |
| | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0194 | 0.2451 | 4.0800 |
| 15 | Herz | 0.0106 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0083 | 0.0102 | 0.8129 | 1.2302 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0103 | 0.0180 | 0.5711 | 1.7510 |
| 20 | Niere | 0.0081 | 0.0068 | 1.1896 | 0.8406 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0329 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0153 | 0.0064 | 2.3885 | 0.4187 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.1055 | 0.1280 | 7.8106 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0305 | 0.0136 | 2.2445 | 0.4455 |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0069 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0157 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0121 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0136 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0203 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0099 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0171 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0097 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0246 | | | |
| | Nerven | 0.0060 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0205 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0387 | | | |
| | Uterus_n | 0.0250 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0204 | 0.1907 | 5.2444 |
| | Brust | 0.0141 | 0.0263 | 0.5347 | 1.8702 |
| | Duenn darm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0090 | 0.0312 | 0.2878 | 3.4745 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0136 | 0.0150 | 0.9057 | 1.1042 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0192 | 0.0185 | 1.0354 | 0.9658 |
| | Gehirn | 0.0222 | 0.0113 | 1.9635 | 0.5093 |
| | Haematopoetisch | 0.0094 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0129 | 0.3676 | 2.7200 |
| 15 | Herz | 0.0148 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0234 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0135 | 0.0123 | 1.1007 | 0.9085 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0153 | 0.6303 | 1.5866 |
| | Muskel-Skelett | 0.0188 | 0.0300 | 0.6282 | 1.5918 |
| 20 | Niere | 0.0163 | 0.0205 | 0.7930 | 1.2610 |
| | Pankreas | 0.0083 | 0.0221 | 0.3739 | 2.6743 |
| | Penis | 0.0090 | 0.0267 | 0.3369 | 2.9678 |
| | Prostata | 0.0109 | 0.0043 | 2.5591 | 0.3908 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0204 | 0.3741 | 2.6732 |
| | Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0954 | 0.1067 | 9.3678 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | |
| | Samenbiase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0087 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0111 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0260 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.1595 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0203 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0058 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0488 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0114 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0154 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0060 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0083 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0234 | 0.0204 | 1.1441 | 0.8741 |
| | Brust | 0.0192 | 0.0470 | 0.4083 | 2.4491 |
| | Duenndarm | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0090 | 0.0546 | 0.1645 | 6.0803 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0204 | 0.0075 | 2.7170 | 0.3681 |
| | Gastrointestinal | 0.0268 | 0.0416 | 0.6443 | 1.5522 |
| | Gehirn | 0.0037 | 0.0154 | 0.2400 | 4.1669 |
| | Haematopoetisch | 0.0147 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0476 | 0.0259 | 1.8382 | 0.5440 |
| | Herz | 0.0095 | 0.0412 | 0.2313 | 4.3235 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0166 | 0.0184 | 0.9032 | 1.1072 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0387 | 0.0460 | 0.8404 | 1.1900 |
| | Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0300 | 0.2284 | 4.3775 |
| | Niere | 0.0543 | 0.0411 | 1.3217 | 0.7566 |
| 25 | Pankreas | 0.0363 | 0.0110 | 3.2906 | 0.3039 |
| | Penis | 0.0060 | 0.0267 | 0.2246 | 4.4517 |
| | Prostata | 0.0218 | 0.0128 | 1.7060 | 0.5862 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0338 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0136 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0954 | 0.0534 | 18.7357 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0352 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0535 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0078 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0083 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0121 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0204 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0017 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0244 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0040 | | | |
| | Prostata | 0.0137 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0083 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0013 | 0.0038 | 0.3403 | 2.9389 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0130 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0074 | 0.0051 | 1.4399 | 0.6945 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0379 | 0.0706 | 14.1689 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0054 | 0.0068 | 0.7930 | 1.2610 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0128 | 0.1706 | 5.8615 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0041 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0114 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0030 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0137 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0090 | 0.0038 | 2.3818 | 0.4198 |
| | Duenndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0156 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0119 | 0.0100 | 1.1887 | 0.8413 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0015 | 0.0031 | 0.4800 | 2.0835 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0041 | 0.2540 | 3.9367 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0109 | 0.0043 | 2.5591 | 0.3908 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0528 | 0.1280 | 7.8106 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0136 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0213 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0217 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| | Placenta | 0.0121 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0136 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0076 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0030 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0137 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0019 | 0.0000 | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0130 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0020 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0023 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0020 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

| | | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|------------------------|-----------------------|---------------|---------|
| | | | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0078 | 0.0026 | 3.0509 | 0.3278 |
| | Brust | 0.0038 | 0.0113 | 0.3403 | 2.9389 |
| | Duennndarm | 0.0123 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0702 | 0.0426 | 23.4526 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0556 | 0.0278 | 2.0018 | 0.4995 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0323 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0062 | 0.0082 | 0.7621 | 1.3122 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0077 | 1.2605 | 0.7933 |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0110 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0255 | 0.2559 | 3.9077 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0192 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0357 | | | |
| | Samenblase | 0.0890 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0213 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0167 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0152 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0017 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0137 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0026 | 1.5254 | 0.6555 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0019 | 0.0000 | undef |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0130 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0046 | 0.0000 | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0123 | 0.1693 | 5.9051 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 55 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 60 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 65 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0038 | 0.0075 | 0.5104 | 1.9593 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0156 | 0.0000 | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0077 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0012 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

| | | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------|--------------|--------|---------------|-----|
| | | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0663 | 0.0741 | 0.0741 | 0.8942 | 1.1183 | |
| | Brust | 0.0640 | 0.0846 | 0.0846 | 0.7561 | 1.3225 | |
| | Duenndarm | 0.1104 | 0.0165 | 0.0165 | 6.6733 | 0.1499 | |
| | Eierstock | 0.0958 | 0.1951 | 0.1951 | 0.4912 | 2.0358 | |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0511 | 0.0426 | 0.0426 | 1.1987 | 0.8343 | |
| | Gastrointestinal | 0.1188 | 0.1527 | 0.1527 | 0.7781 | 1.2851 | |
| | Gehirn | 0.0584 | 0.0863 | 0.0863 | 0.6771 | 1.4769 | |
| | Haematopoetisch | 0.1016 | 0.1136 | 0.1136 | 0.8940 | 1.1186 | |
| 15 | Haut | 0.0698 | 0.0000 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0776 | 0.0776 | 0.0613 | 16.3199 | |
| | Herz | 0.1304 | 0.0000 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| | Hoden | 0.0230 | 0.0819 | 0.0819 | 0.2811 | 3.5571 | |
| 20 | Lunge | 0.1620 | 0.1227 | 0.1227 | 1.3209 | 0.7571 | |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0580 | 0.1073 | 0.1073 | 0.5402 | 1.8511 | |
| | Muskel-Skelett | 0.1045 | 0.0480 | 0.0480 | 2.1773 | 0.4593 | |
| | Niere | 0.0516 | 0.0959 | 0.0959 | 0.5381 | 1.8583 | |
| 25 | Pankreas | 0.0529 | 0.1491 | 0.1491 | 0.3545 | 2.8205 | |
| | Penis | 0.0749 | 0.0800 | 0.0800 | 0.9360 | 1.0684 | |
| | Prostata | 0.0632 | 0.0426 | 0.0426 | 1.4843 | 0.6737 | |
| | Uterus_Endometrium | 0.0676 | 0.0000 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.1067 | 0.2309 | 0.2309 | 0.4621 | 2.1640 | |
| | Uterus_allgemein | 0.1528 | 0.0000 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0480 | | | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0476 | | | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0534 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0235 | | | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.1309 | | | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | | | |
| 40 | FOETUS | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0333 | | | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0626 | | | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0590 | | | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | | | |
| | Hepatisch | 0.0260 | | | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0391 | | | | | |
| | Lunge | 0.0650 | | | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | | | |
| | Niere | 0.0432 | | | | | |
| 55 | Placenta | 0.0424 | | | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0126 | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | | | |
| | Eierstock_n | 0.1595 | | | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0152 | | | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | | |
| | Foetal | 0.0052 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0244 | | | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0097 | | | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | | | |
| | Lunge | 0.0573 | | | | | |
| 75 | Nerven | 0.0181 | | | | | |
| | Prostata | 0.0342 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| | Uterus_n | 0.0333 | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duenndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0598 | 0.0501 | 19.9782 |
| 10 | Endokrines Gewebe | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0299 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 30 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 40 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 55 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 60 | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 65 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0038 | 0.0000 | undef |
| | Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0234 | 0.1279 | 7.8175 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0192 | 0.0185 | 1.0354 | 0.9658 |
| | Gehirn | 0.0015 | 0.0062 | 0.2400 | 4.1669 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0052 | 0.0061 | 0.8467 | 1.1810 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0110 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0026 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0130 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0139 | 0.0000 | undef |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0137 | 0.0000 | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0234 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0020 | 1.0161 | 0.9842 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0267 | 0.1123 | 8.9035 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0023 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0020 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0234 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.3189 | 0.0153 | 20.7988 | 0.0481 |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0083 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0026 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0286 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0075 | 0.6792 | 1.4722 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0030 | 0.0072 | 0.4114 | 2.4307 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 | 2.0326 |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0041 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0097 | 0.0077 | 1.2605 | 0.7933 |
| | Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0054 | 0.0137 | 0.3965 | 2.5219 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0043 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0070 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0114 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0097 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0020 | | | |
| | Prostata | 0.0137 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0291 | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0077 | 0.5085 | 1.9666 |
| | Brust | 0.0051 | 0.0056 | 0.9074 | 1.1021 |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0208 | 0.1439 | 6.9489 |
| | Endokrines Gewebe | 0.0102 | 0.0025 | 4.0755 | 0.2454 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0115 | 0.0093 | 1.2425 | 0.8048 |
| | Gehirn | 0.0044 | 0.0062 | 0.7200 | 1.3890 |
| | Haematopoetisch | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0062 | 0.0061 | 1.0161 | 0.9842 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0120 | 0.1428 | 7.0040 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0068 | 0.3965 | 2.5219 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0030 | 0.0267 | 0.1123 | 8.9035 |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0021 | 3.0709 | 0.3256 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0149 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0035 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 35 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 40 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 45 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 50 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 55 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 60 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 65 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

| | | |
|----|-------------------|--------|
| | Brust | 0.0000 |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0012 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0065 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0164 |
| | Nerven | 0.0070 |
| 65 | Prostata | 0.0068 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| | Uterus_n | 0.0167 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0208 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0096 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0230 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 50 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

| | | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------|--------------|--------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | 0.0130 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0037 | 0.0000 | 0.0010 | 3.5998 | 0.2778 | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0021 | 0.0000 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0052 | 0.0000 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | 0.0000 | undef | 0.0000 | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 0.0000 |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 0.0000 |
| | Samenblase | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 0.0000 |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 0.0000 |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 0.0000 |
| | Zervix | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | 0.0000 |

| | | |
|----|-------------------|--------|
| 35 | FOETUS | |
| | %Haeufigkeit | |
| | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0125 |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0079 |
| | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0499 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |

50

| | | |
|----|-------------------------------------|--------|
| 55 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
| | %Haeufigkeit | |
| | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 |
| 60 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0023 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0114 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 65 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0164 |
| | Nerven | 0.0010 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 |
| | Uterus_n | 0.0042 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

| | | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|-------|
| | | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | | 0.0130 | | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0235 | | | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | | | |
| | | | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| | | | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 | | | | | |
| | | | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

| | | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------|--------------|--------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0000 | 0.0260 | 0.0000 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Samenblase | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | 0.0118 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Zervix | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | | | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | Placenta | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | | | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| 60 | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 | 0.0000 |
| | | | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

| | | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | | 0.0102 | | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0090 | | 0.0056 | | 1.5879 | 0.6298 |
| | Duenn darm | 0.0031 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0060 | | 0.0390 | | 0.1535 | 6.5146 |
| | Endokrines Gewebe | 0.0034 | | 0.0025 | | 1.3585 | 0.7361 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | | 0.0231 | | 0.0828 | 12.0723 |
| | Gehirn | 0.0000 | | 0.0031 | | 0.0000 | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0080 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | | 0.0847 | | 0.0433 | 23.0839 |
| | Hepatisch | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | | 0.0117 | | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0021 | | 0.0102 | | 0.2032 | 4.9209 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | | 0.0077 | | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0054 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | | 0.0110 | | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Prostata | 0.0065 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0229 | | 0.0068 | | 3.3668 | 0.2970 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | | | |
| | | | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0079 | | | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | | |
| | Lunge | 0.0108 | | | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| | | | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | | | |
| | Eierstock_t | 0.0101 | | | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | | |
| | Foetal | 0.0012 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0057 | | | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | | | |
| | Lunge | 0.0491 | | | | | |
| | Nerven | 0.0010 | | | | | |
| | Prostata | 0.0068 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0125 | | | | | |
| | | | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

| | | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|------------------------|-----------------------|---------------|--------|
| | | | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0117 | 0.0102 | 1.1441 | 0.8741 |
| | Brust | 0.0090 | 0.0263 | 0.3403 | 2.9389 |
| | Duennndarm | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0156 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0170 | 0.0050 | 3.3962 | 0.2944 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0172 | 0.0046 | 3.7275 | 0.2683 |
| | Gehirn | 0.0081 | 0.0216 | 0.3771 | 2.6517 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0065 | 0.7353 | 1.3600 |
| 15 | Herz | 0.0117 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0083 | 0.0020 | 4.0643 | 0.2460 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0120 | 0.0060 | 1.9989 | 0.5003 |
| 20 | Niere | 0.0081 | 0.0068 | 1.1896 | 0.8406 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0110 | 0.1496 | 6.6857 |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0131 | 0.0021 | 6.1418 | 0.1628 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0043 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| | Placenta | 0.0121 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0012 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0171 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0137 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0117 | 0.0051 | 2.2882 | 0.4370 |
| | Brust | 0.0090 | 0.0019 | 4.7637 | 0.2099 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0208 | 0.1439 | 6.9489 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0025 | 1.3585 | 0.7361 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0021 | 0.3600 | 2.7779 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0052 | 0.0041 | 1.2701 | 0.7873 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0180 | 0.0952 | 10.5060 |
| 20 | Niere | 0.0054 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0083 | 0.0055 | 1.4957 | 0.6686 |
| | Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0064 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0152 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0020 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0077 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | | | N/T | T/N |
| 5 | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | | |
| | Blase | 0.0156 | 0.0026 | 6.1018 | 0.1639 |
| | Brust | 0.0179 | 0.0169 | 1.0586 | 0.9446 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0060 | 0.0286 | 0.2093 | 4.7774 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0324 | 0.0251 | 1.2906 | 0.7749 |
| | Gastrointestinal | 0.0287 | 0.0278 | 1.0354 | 0.9658 |
| | Gehirn | 0.0229 | 0.0164 | 1.3949 | 0.7169 |
| | Haematopoetisch | 0.0107 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0147 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| | Herz | 0.0350 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 | 2.0326 |
| | Lunge | 0.0239 | 0.0225 | 1.0623 | 0.9414 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0120 | 0.0060 | 1.9989 | 0.5003 |
| | Niere | 0.0190 | 0.0137 | 1.3878 | 0.7206 |
| | Pankreas | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0210 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0262 | 0.0085 | 3.0709 | 0.3256 |
| 25 | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0068 | 3.3668 | 0.2970 |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0160 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| 30 | Samenblase | 0.0356 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0208 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0167 | | | |
| | Gehirn | 0.0188 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0320 | | | |
| | Lunge | 0.0108 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| | Placenta | 0.0182 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 55 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | |
| | Eierstock_n | 0.1595 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 60 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0082 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0162 | | | |
| 65 | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0221 | | | |
| | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0155 | | | |
| | Uterus_n | 0.0083 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

| | | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|------------------------|-----------------------|---------------|--------|
| | | | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0051 | 0.7627 | 1.3111 |
| | Brust | 0.0038 | 0.0056 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duendarm | 0.0031 | 0.0165 | 0.1854 | 5.3946 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0130 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0025 | 2.0377 | 0.4907 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0139 | 0.4142 | 2.4145 |
| | Gehirn | 0.0037 | 0.0062 | 0.6000 | 1.6668 |
| | Haematopoetisch | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0042 | 0.0275 | 0.1542 | 6.4853 |
| | Hoden | 0.0115 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0041 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0109 | 0.0137 | 0.7930 | 1.2610 |
| | Pankreas | 0.0066 | 0.0055 | 1.1966 | 0.8357 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0064 | 0.6824 | 1.4654 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0208 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0260 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 55 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 60 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| 65 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0020 | | | |
| | Prostata | 0.0205 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0078 | 0.0179 | 0.4358 | 2.2944 |
| | Brust | 0.0064 | 0.0094 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duenndarm | 0.0092 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0130 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0075 | 0.6792 | 1.4722 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0052 | 0.0051 | 1.0079 | 0.9921 |
| | Haematopoetisch | 0.0080 | 0.0379 | 0.2117 | 4.7230 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0064 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0173 | 0.0117 | 1.4759 | 0.6775 |
| | Lunge | 0.0073 | 0.0102 | 0.7112 | 1.4060 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0153 | 0.6303 | 1.5866 |
| | Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0137 | 0.1983 | 5.0439 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0131 | 0.0064 | 2.0473 | 0.4885 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0272 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0043 | | | |
| | Zervix | 0.0213 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| | Gehirn | 0.0188 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0087 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0194 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0100 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0077 | | | |
| | Uterus_n | 0.0167 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0026 | 0.0150 | 0.1701 | 5.8778 |
| | Duenn darm | 0.0061 | 0.0165 | 0.3707 | 2.6973 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0208 | 0.1439 | 6.9489 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0119 | 0.0075 | 1.5849 | 0.6309 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0037 | 0.0072 | 0.5143 | 1.9446 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0074 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0062 | 0.0061 | 1.0161 | 0.9842 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0188 | 0.0060 | 3.1411 | 0.3184 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0090 | 0.0267 | 0.3369 | 2.9678 |
| | Prostata | 0.0153 | 0.0106 | 1.4331 | 0.6978 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0068 | 1.1223 | 0.8911 |
| | Uterus_allgemein | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0178 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0213 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.1014 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0136 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0052 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0456 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0040 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0102 | 0.3814 | 2.6222 |
| | Brust | 0.0179 | 0.0038 | 4.7637 | 0.2099 |
| | Duenn darm | 0.0092 | 0.0496 | 0.1854 | 5.3946 |
| | Eierstock | 0.0060 | 0.0260 | 0.2303 | 4.3431 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0153 | 0.0251 | 0.6113 | 1.6358 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0211 | 0.0463 | 0.4556 | 2.1950 |
| | Gehirn | 0.0155 | 0.0103 | 1.5119 | 0.6614 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0758 | 0.0529 | 18.8919 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0388 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0106 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0177 | 0.0143 | 1.2338 | 0.8105 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0109 | 0.0274 | 0.3965 | 2.5219 |
| | Pankreas | 0.0231 | 0.0221 | 1.0470 | 0.9551 |
| | Penis | 0.0090 | 0.0267 | 0.3369 | 2.9678 |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0106 | 0.6142 | 1.6282 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0204 | 0.3741 | 2.6732 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0256 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0095 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| | | | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0278 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| | Gehirn | 0.0125 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0142 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0499 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 50 | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0023 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0060 | | | |
| | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

| | | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0234 | | 0.0153 | | 1.5254 | 0.6555 |
| | Brust | 0.0115 | | 0.0113 | | 1.0208 | 0.9796 |
| | Duenn darm | 0.0092 | | 0.0165 | | 0.5561 | 1.7982 |
| | Eierstock | 0.0090 | | 0.0286 | | 0.3140 | 3.1849 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0102 | | 0.0125 | | 0.8151 | 1.2268 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0230 | | 0.0278 | | 0.8283 | 1.2072 |
| | Gehirn | 0.0148 | | 0.0144 | | 1.0285 | 0.9723 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | | 0.0065 | | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0106 | | 0.0275 | | 0.3855 | 2.5941 |
| | Hoden | 0.0058 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0125 | | 0.0123 | | 1.0161 | 0.9842 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | | 0.0077 | | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0137 | | 0.0120 | | 1.1422 | 0.8755 |
| 20 | Niere | 0.0136 | | 0.0274 | | 0.4956 | 2.0176 |
| | Pankreas | 0.0099 | | 0.0110 | | 0.8974 | 1.1143 |
| | Penis | 0.0060 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0109 | | 0.0192 | | 0.5687 | 1.7585 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | | 0.0136 | | 0.5611 | 1.7821 |
| | Uterus_allgemein | 0.0102 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0087 | | | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0083 | | | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | | | |
| | Hepatisch | 0.0520 | | | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | | | |
| | Lunge | 0.0181 | | | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | | | |
| | Niere | 0.0371 | | | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0126 | | | | | |
| 55 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | | | |
| | Eierstock_n | 0.1595 | | | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | | |
| | Foetal | 0.0017 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | | | |
| | Nerven | 0.0020 | | | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0038 | 0.3403 | 2.9389 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0130 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0025 | 1.3585 | 0.7361 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0052 | 0.0051 | 1.0079 | 0.9921 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0031 | 0.0020 | 1.5241 | 0.6561 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0060 | 0.2856 | 3.5020 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0221 | 0.0748 | 13.3713 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0043 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0260 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0121 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0082 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0114 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0060 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0083 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0204 | 0.1907 | 5.2444 |
| | Brust | 0.0141 | 0.0150 | 0.9357 | 1.0687 |
| | Duennndarm | 0.0061 | 0.0496 | 0.1236 | 8.0920 |
| | Eierstock | 0.0120 | 0.0364 | 0.3289 | 3.0402 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0085 | 0.0050 | 1.6981 | 0.5889 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0096 | 0.0046 | 2.0708 | 0.4829 |
| | Gehirn | 0.0140 | 0.0185 | 0.7600 | 1.3159 |
| | Haematopoetisch | 0.0067 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0294 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0095 | 0.0065 | 1.4706 | 0.6800 |
| 15 | Herz | 0.0138 | 0.0412 | 0.3341 | 2.9932 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0156 | 0.0164 | 0.9526 | 1.0498 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0307 | 0.6303 | 1.5866 |
| | Muskel-Skelett | 0.0103 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0054 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0331 | 0.0499 | 20.0570 |
| | Penis | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0174 | 0.0234 | 0.7445 | 1.3433 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0203 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0136 | 1.6834 | 0.5940 |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0954 | 0.0534 | 18.7357 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0238 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0139 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0222 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0260 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0303 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0126 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0304 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0047 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0488 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0114 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0162 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0090 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0250 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0078 | 0.0153 | 0.5085 | 1.9666 |
| | Brust | 0.0077 | 0.0132 | 0.5833 | 1.7144 |
| | Duennndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0234 | 0.1279 | 7.8175 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0085 | 0.0025 | 3.3962 | 0.2944 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0093 | 0.2071 | 4.8289 |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0072 | 0.3086 | 3.2409 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0201 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0468 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0031 | 0.0102 | 0.3048 | 3.2806 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0153 | 1.2605 | 0.7933 |
| | Muskel-Skelett | 0.0120 | 0.0120 | 0.9994 | 1.0006 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0276 | 0.0000 | undef |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0085 | 0.7677 | 1.3026 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0068 | 2.2445 | 0.4455 |
| | Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0182 | | | |
| | Zervix | 0.0213 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0178 | | | |
| | Lunge | 0.0108 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0152 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0012 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0246 | | | |
| | Nerven | 0.0060 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0026 | 1.5254 | 0.6555 |
| | Brust | 0.0128 | 0.0150 | 0.8507 | 1.1756 |
| | Duendarm | 0.0061 | 0.0165 | 0.3707 | 2.6973 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0208 | 0.1439 | 6.9489 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0226 | 0.2264 | 4.4166 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0077 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0074 | 0.0103 | 0.7200 | 1.3890 |
| | Haematopoetisch | 0.0174 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Herz | 0.0085 | 0.0275 | 0.3084 | 3.2426 |
| | Hoden | 0.0115 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0062 | 0.0102 | 0.6096 | 1.6403 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0307 | 0.0000 | undef |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0120 | 0.0060 | 1.9989 | 0.5003 |
| | Niere | 0.0217 | 0.0068 | 3.1722 | 0.3152 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0180 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0085 | 0.5118 | 1.9538 |
| 25 | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0272 | 0.2806 | 3.5642 |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | |
| 30 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0139 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0278 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| | Gehirn | 0.0188 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0142 | | | |
| 45 | Lunge | 0.0145 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 55 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0076 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0120 | | | |
| | Prostata | 0.0274 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0585 | 0.0332 | 1.7601 | 0.5681 |
| | Brust | 0.0230 | 0.0132 | 1.7499 | 0.5715 |
| | Duennndarm | 0.0153 | 0.0827 | 0.1854 | 5.3946 |
| | Eierstock | 0.0150 | 0.0546 | 0.2741 | 3.6482 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0136 | 0.0150 | 0.9057 | 1.1042 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0192 | 0.0416 | 0.4602 | 2.1730 |
| | Gehirn | 0.0163 | 0.0277 | 0.5866 | 1.7046 |
| | Haematopoetisch | 0.0374 | 0.0379 | 0.9881 | 1.0121 |
| | Haut | 0.0404 | 0.0847 | 0.4765 | 2.0985 |
| | Hepatisch | 0.0143 | 0.0388 | 0.3676 | 2.7200 |
| 15 | Herz | 0.0297 | 0.0412 | 0.7196 | 1.3897 |
| | Hoden | 0.0863 | 0.1169 | 0.7380 | 1.3551 |
| | Lunge | 0.0364 | 0.0266 | 1.3678 | 0.7311 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0290 | 0.0767 | 0.3782 | 2.6444 |
| | Muskel-Skelett | 0.0411 | 0.0360 | 1.1422 | 0.8755 |
| 20 | Niere | 0.0190 | 0.0137 | 1.3878 | 0.7206 |
| | Pankreas | 0.0132 | 0.0497 | 0.2659 | 3.7607 |
| | Penis | 0.0359 | 0.0800 | 0.4493 | 2.2259 |
| | Prostata | 0.0262 | 0.0128 | 2.0473 | 0.4885 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0338 | 0.0528 | 0.6402 | 1.5621 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0178 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0251 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0278 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0528 | | | |
| | Gehirn | 0.1189 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0275 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0520 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0818 | | | |
| | Lunge | 0.0253 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0371 | | | |
| | Placenta | 0.0424 | | | |
| | Prostata | 0.0499 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0251 | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0093 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0366 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0389 | | | |
| | Hoden | 0.0154 | | | |
| | Lunge | 0.0491 | | | |
| | Nerven | 0.0120 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0077 | | | |
| | Uterus_n | 0.0250 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0117 | 0.0102 | 1.1441 | 0.8741 |
| | Brust | 0.0038 | 0.0056 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duenn darm | 0.0031 | 0.0165 | 0.1854 | 5.3946 |
| | Eierstock | 0.0060 | 0.0390 | 0.1535 | 6.5146 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0102 | 0.0251 | 0.4075 | 2.4537 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0077 | 0.0093 | 0.8283 | 1.2072 |
| | Gehirn | 0.0140 | 0.0082 | 1.7099 | 0.5848 |
| | Haematopoetisch | 0.0053 | 0.1515 | 0.0353 | 28.3379 |
| | Haut | 0.0220 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0148 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0104 | 0.0184 | 0.5645 | 1.7715 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0180 | 0.2856 | 3.5020 |
| 20 | Niere | 0.0109 | 0.0137 | 0.7930 | 1.2610 |
| | Pankreas | 0.0099 | 0.0110 | 0.8974 | 1.1143 |
| | Penis | 0.0180 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0043 | 0.5118 | 1.9538 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0270 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0192 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0061 | | | |
| | Zervix | 0.0213 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0835 | | | |
| 40 | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0375 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| 45 | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0213 | | | |
| 50 | Lunge | 0.0108 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0182 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0203 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| 70 | Foetal | 0.0023 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0244 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 75 | Haut-Muskel | 0.0162 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0246 | | | |
| 80 | Nerven | 0.0241 | | | |
| | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 85 | Uterus_n | 0.0000 | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

| | | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|------------------------|-----------------------|---------------|--------|
| | | | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0230 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0000 | 0.0150 | 0.0000 | undef |
| | Duennndarm | 0.0675 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0208 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0153 | 0.0139 | 1.1045 | 0.9054 |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0154 | 0.1440 | 6.9448 |
| | Haematopoetisch | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0323 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0064 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0020 | 0.0000 | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 6.3239 | 0.7179 | 8.8087 | 0.1135 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.2721 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0354 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0017 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.2685 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0097 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0083 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

| | | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|------------------------|-----------------------|---------------|---------|
| | | | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0077 | 0.5085 | 1.9666 |
| | Brust | 0.0064 | 0.0075 | 0.8507 | 1.1756 |
| | Duennndarm | 0.0245 | 0.0165 | 1.4830 | 0.6743 |
| | Eierstock | 0.0090 | 0.0520 | 0.1727 | 5.7908 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0085 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0153 | 0.0324 | 0.4733 | 2.1127 |
| | Gehirn | 0.0044 | 0.0123 | 0.3600 | 2.7779 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0381 | 0.0970 | 0.3922 | 2.5500 |
| | Herz | 0.0074 | 0.0137 | 0.5397 | 1.8529 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0052 | 0.0082 | 0.6350 | 1.5747 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0230 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0086 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Niere | 0.0163 | 0.0616 | 0.2643 | 3.7829 |
| 25 | Pankreas | 0.0396 | 0.0055 | 7.1795 | 0.1393 |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0106 | 0.6142 | 1.6282 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0528 | 0.0000 | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0068 | 1.1223 | 0.8911 |
| | Uterus_allgemein | 0.0153 | 0.2863 | 0.0534 | 18.7357 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0043 | | | |
| | Zervix | 0.0319 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0222 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0242 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0136 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0152 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0122 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0228 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0162 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0010 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0250 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0102 | 0.3814 | 2.6222 |
| | Brust | 0.0026 | 0.0169 | 0.1512 | 6.6125 |
| | Duenn darm | 0.0092 | 0.0165 | 0.5561 | 1.7982 |
| | Eierstock | 0.0060 | 0.0260 | 0.2303 | 4.3431 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0075 | 0.4528 | 2.2083 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0185 | 0.3106 | 3.2193 |
| | Gehirn | 0.0044 | 0.0062 | 0.7200 | 1.3890 |
| | Haematopoetisch | 0.0094 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0129 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0115 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0031 | 0.0102 | 0.3048 | 3.2806 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0153 | 0.6303 | 1.5866 |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0060 | 0.2856 | 3.5020 |
| 20 | Niere | 0.0081 | 0.0068 | 1.1896 | 0.8406 |
| | Pankreas | 0.0050 | 0.0055 | 0.8974 | 1.1143 |
| | Penis | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0085 | 0.2559 | 3.9077 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0061 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| | Gehirn | 0.0188 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0157 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0121 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0126 | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0272 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0169 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0171 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0328 | | | |
| | Nerven | 0.0080 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0125 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0156 | 0.0000 | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0021 | 0.3600 | 2.7779 |
| | Haematopoetisch | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0288 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Lunge | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef |
| | Niere | 0.0054 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Pankreas | 0.0050 | 0.0055 | 0.8974 | 1.1143 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0954 | 0.1067 | 9.3678 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0108 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.1595 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0152 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0029 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0342 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0097 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0020 | | | |
| | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0078 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0077 | 0.0094 | 0.8166 | 1.2245 |
| | Duenn darm | 0.0123 | 0.0165 | 0.7415 | 1.3487 |
| | Eierstock | 0.0060 | 0.0260 | 0.2303 | 4.3431 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0324 | 0.0075 | 4.3019 | 0.2325 |
| | Gastrointestinal | 0.0134 | 0.0093 | 1.4496 | 0.6898 |
| | Gehirn | 0.0111 | 0.0051 | 2.1599 | 0.4630 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0379 | 0.1059 | 9.4460 |
| 15 | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0095 | 0.0065 | 1.4706 | 0.6800 |
| | Herz | 0.0148 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Lunge | 0.0135 | 0.0102 | 1.3209 | 0.7571 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0060 | 0.2856 | 3.5020 |
| | Niere | 0.0109 | 0.0068 | 1.5861 | 0.6305 |
| 25 | Pankreas | 0.0099 | 0.0055 | 1.7949 | 0.5571 |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0109 | 0.0085 | 1.2795 | 0.7815 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0149 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0089 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0130 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0063 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0118 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0142 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0182 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0126 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0041 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0097 | | | |
| | Hoden | 0.0154 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0070 | | | |
| | Prostata | 0.0137 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0083 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.1053 | 0.0895 | 1.1768 | 0.8498 |
| | Brust | 0.0652 | 0.0846 | 0.7713 | 1.2966 |
| | Duenn darm | 0.1073 | 0.0992 | 1.0813 | 0.9248 |
| | Eierstock | 0.0629 | 0.1353 | 0.4649 | 2.1509 |
| | Endokrines Gewebe | 0.0579 | 0.0451 | 1.2830 | 0.7794 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.1379 | 0.2220 | 0.6213 | 1.6096 |
| | Gehirn | 0.0702 | 0.0534 | 1.3153 | 0.7603 |
| | Haematopoetisch | 0.1056 | 0.1136 | 0.9293 | 1.0761 |
| | Haut | 0.0587 | 0.0847 | 0.6931 | 1.4427 |
| | Hepatisch | 0.0285 | 0.1035 | 0.2757 | 3.6266 |
| 15 | Herz | 0.1293 | 0.0412 | 3.1353 | 0.3189 |
| | Hoden | 0.0403 | 0.1754 | 0.2296 | 4.3556 |
| | Lunge | 0.0914 | 0.1063 | 0.8598 | 1.1631 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0387 | 0.1840 | 0.2101 | 4.7599 |
| | Muskel-Skelett | 0.0548 | 0.1260 | 0.4351 | 2.2982 |
| 20 | Niere | 0.0814 | 0.1438 | 0.5665 | 1.7654 |
| | Pankreas | 0.0363 | 0.1878 | 0.1936 | 5.1662 |
| | Penis | 0.1138 | 0.0800 | 1.4227 | 0.7029 |
| | Prostata | 0.0697 | 0.0958 | 0.7279 | 1.3738 |
| | Uterus_Endometrium | 0.1824 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0838 | 0.0951 | 0.8818 | 1.1341 |
| | Uterus_allgemein | 0.1171 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0671 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0922 | | | |
| | Samenblase | 0.0712 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0706 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.1448 | | | |
| | Zervix | 0.1810 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0557 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.1083 | | | |
| | Gehirn | 0.0500 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0944 | | | |
| | Haut | 0.2513 | | | |
| | Hepatisch | 0.0260 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0712 | | | |
| | Lunge | 0.1409 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0507 | | | |
| | Niere | 0.1297 | | | |
| | Placenta | 0.0545 | | | |
| | Prostata | 0.0499 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0251 | | | |
| | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0340 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0253 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0163 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0292 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0246 | | | |
| | Nerven | 0.0090 | | | |
| | Prostata | 0.0274 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0042 | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0663 | 0.0895 | 0.7409 | 1.3497 |
| | Brust | 0.0371 | 0.0489 | 0.7591 | 1.3174 |
| | Duenn darm | 0.0766 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0270 | 0.0754 | 0.3573 | 2.7989 |
| 10 | Endokrines Gewebe | 0.0170 | 0.0326 | 0.5225 | 1.9139 |
| | Gastrointestinal | 0.0805 | 0.0833 | 0.9664 | 1.0348 |
| | Gehirn | 0.0177 | 0.0390 | 0.4547 | 2.1992 |
| | Haematopoetisch | 0.0896 | 0.0758 | 1.1822 | 0.8459 |
| 15 | Haut | 0.0551 | 0.1695 | 0.3249 | 3.0779 |
| | Hepatisch | 0.0238 | 0.0776 | 0.3064 | 3.2640 |
| | Herz | 0.0604 | 0.1237 | 0.4883 | 2.0480 |
| | Hoden | 0.0288 | 0.0702 | 0.4100 | 2.4391 |
| 20 | Lunge | 0.0519 | 0.0429 | 1.2096 | 0.8267 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0676 | 0.0843 | 0.8022 | 1.2466 |
| | Muskel-Skelett | 0.0223 | 0.0240 | 0.9280 | 1.0775 |
| | Niere | 0.0353 | 0.0548 | 0.6443 | 1.5520 |
| 25 | Pankreas | 0.0132 | 0.0773 | 0.1709 | 5.8500 |
| | Penis | 0.0838 | 0.0533 | 1.5724 | 0.6360 |
| | Prostata | 0.0567 | 0.0255 | 2.2179 | 0.4509 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0946 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0762 | 0.0679 | 1.1223 | 0.8911 |
| | Uterus_allgemein | 0.0407 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0192 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0505 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0445 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0772 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0305 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0313 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0393 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0260 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0285 | | | |
| | Lunge | 0.0145 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0679 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0364 | | | |
| | Prostata | 0.0997 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0272 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.1468 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0105 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0366 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0292 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0328 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0040 | | | |
| | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0250 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0234 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0468 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0353 | 0.0164 | 2.1591 | 0.4631 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.1836 | 0.1227 | 1.4969 | 0.6681 |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0050 | 0.0221 | 0.2244 | 4.4571 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0128 | 0.1706 | 5.8615 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.1246 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0026 | 0.0301 | 0.0851 | 11.7556 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0331 | 0.0000 | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0728 | 0.0411 | 24.3213 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0100 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0046 | 0.0000 | undef |
| | Gehirn | 0.0510 | 0.0596 | 0.8565 | 1.1675 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | 0.1695 | 0.0217 | 46.1678 |
| | Hepatisch | 0.0523 | 0.1747 | 0.2996 | 3.3382 |
| 15 | Herz | 0.0138 | 0.0137 | 1.0023 | 0.9977 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0935 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0073 | 0.0818 | 0.0889 | 11.2478 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0230 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0240 | 0.2760 | 0.0869 | 11.5066 |
| 20 | Niere | 0.3910 | 0.4108 | 0.9516 | 1.0508 |
| | Pankreas | 0.1123 | 0.0387 | 2.9060 | 0.3441 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0021 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.2111 | 0.0320 | 31.2422 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.1908 | 0.0267 | 37.4714 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.1838 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0696 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0194 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.2302 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.1632 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0128 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0231 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0310 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0153 | 1.0170 | 0.9833 |
| | Brust | 0.0090 | 0.0244 | 0.3664 | 2.7290 |
| | Duenn darm | 0.0123 | 0.0496 | 0.2472 | 4.0460 |
| | Eierstock | 0.0090 | 0.0338 | 0.2657 | 3.7640 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0136 | 0.0226 | 0.6038 | 1.6562 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0172 | 0.0324 | 0.5325 | 1.8779 |
| | Gehirn | 0.0044 | 0.0216 | 0.2057 | 4.8614 |
| | Haematopoetisch | 0.0254 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0065 | 0.7353 | 1.3600 |
| 15 | Herz | 0.0170 | 0.0137 | 1.2336 | 0.8107 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0073 | 0.0286 | 0.2540 | 3.9367 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0307 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0180 | 0.2856 | 3.5020 |
| 20 | Niere | 0.0190 | 0.0068 | 2.7756 | 0.3603 |
| | Pankreas | 0.0083 | 0.0110 | 0.7479 | 1.3371 |
| | Penis | 0.0120 | 0.0267 | 0.4493 | 2.2259 |
| | Prostata | 0.0131 | 0.0106 | 1.2284 | 0.8141 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0136 | 0.5611 | 1.7821 |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0192 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0113 | | | |
| | Zervix | 0.0213 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| 40 | Gastrointestinal | 0.0250 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0118 | | | |
| 45 | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0260 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0178 | | | |
| 50 | Lunge | 0.0145 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0371 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| 55 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0377 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0152 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| 70 | Foetal | 0.0256 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| 75 | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| | Hoden | 0.0309 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| 80 | Nerven | 0.0100 | | | |
| | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.1084 | | | |
| 85 | Uterus_n | 0.0250 | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

| | | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0273 | | 0.0332 | | 0.8214 | 1.2174 |
| | Brust | 0.0230 | | 0.0188 | | 1.2250 | 0.8164 |
| | Duennndarm | 0.0276 | | 0.0331 | | 0.8342 | 1.1988 |
| | Eierstock | 0.0210 | | 0.0650 | | 0.3224 | 3.1022 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0238 | | 0.0276 | | 0.8645 | 1.1567 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0172 | | 0.0463 | | 0.3728 | 2.6827 |
| | Gehirn | 0.0118 | | 0.0144 | | 0.8228 | 1.2153 |
| | Haematopoetisch | 0.0214 | | 0.0379 | | 0.5646 | 1.7711 |
| | Haut | 0.0147 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | | 0.0259 | | 0.1838 | 5.4400 |
| 15 | Herz | 0.0540 | | 0.0550 | | 0.9830 | 1.0173 |
| | Hoden | 0.0173 | | 0.0585 | | 0.2952 | 3.3877 |
| | Lunge | 0.0322 | | 0.0450 | | 0.7159 | 1.3969 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0290 | | 0.0077 | | 3.7816 | 0.2644 |
| | Muskel-Skelett | 0.0240 | | 0.0600 | | 0.3998 | 2.5014 |
| 20 | Niere | 0.0353 | | 0.0548 | | 0.6443 | 1.5520 |
| | Pankreas | 0.0165 | | 0.0221 | | 0.7479 | 1.3371 |
| | Penis | 0.0150 | | 0.0267 | | 0.5616 | 1.7807 |
| | Prostata | 0.0240 | | 0.0405 | | 0.5926 | 1.6874 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0270 | | 0.1055 | | 0.2561 | 3.9053 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0381 | | 0.0068 | | 5.6113 | 0.1782 |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | | 0.1908 | | 0.0267 | 37.4714 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0224 | | | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0297 | | | | | |
| | Samenblase | 0.0534 | | | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0588 | | | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0234 | | | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | | | |
| | | | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Entwicklung | 0.0557 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0083 | | | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0142 | | | | | |
| | Lunge | 0.0253 | | | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0507 | | | | | |
| | Niere | 0.0432 | | | | | |
| | Placenta | 0.0303 | | | | | |
| | Prostata | 0.1247 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0251 | | | | | |
| | | | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Brust | 0.0136 | | | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | | | |
| | Eierstock_t | 0.0051 | | | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | | | |
| | Foetal | 0.0256 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0583 | | | | | |
| 60 | Hoden | 0.0231 | | | | | |
| | Lunge | 0.0491 | | | | | |
| | Nerven | 0.0221 | | | | | |
| | Prostata | 0.0821 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0416 | | | | | |
| | | | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust | 0.0026 | 0.0075 | 0.3403 | 2.9389 |
| | Duenn darm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0182 | 0.1645 | 6.0803 |
| | Endokrines Gewebe | 0.0017 | 0.0025 | 0.6792 | 1.4722 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0139 | 0.0000 | undef |
| | Gehirn | 0.0044 | 0.0041 | 1.0799 | 0.9260 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 | 2.0326 |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0020 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0060 | 0.0000 | undef |
| 20 | Niere | 0.0054 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0055 | 0.5983 | 1.6714 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0126 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| | Endokrines Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0093 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0114 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0309 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0060 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0128 | 0.3051 | 3.2777 |
| | Brust | 0.0141 | 0.0150 | 0.9357 | 1.0687 |
| | Duenn darm | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0090 | 0.0416 | 0.2159 | 4.6326 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0119 | 0.0176 | 0.6792 | 1.4722 |
| | Gastrointestinal | 0.0096 | 0.0139 | 0.6903 | 1.4487 |
| | Gehirn | 0.0126 | 0.0031 | 4.0798 | 0.2451 |
| | Haematopoetisch | 0.0080 | 0.1136 | 0.0706 | 14.1689 |
| 15 | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0065 | 0.7353 | 1.3600 |
| | Herz | 0.0191 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0173 | 0.0117 | 1.4759 | 0.6775 |
| 20 | Lunge | 0.0104 | 0.0164 | 0.6350 | 1.5747 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0120 | 0.5711 | 1.7510 |
| | Niere | 0.0109 | 0.0137 | 0.7930 | 1.2610 |
| 25 | Pankreas | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0090 | 0.0267 | 0.3369 | 2.9678 |
| | Prostata | 0.0131 | 0.0021 | 6.1418 | 0.1628 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0136 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0104 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0278 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0111 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0250 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0157 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0285 | | | |
| | Lunge | 0.0108 | | | |
| | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0377 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.1595 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0152 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0070 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| | Hoden | 0.0231 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0191 | | | |
| | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0155 | | | |
| | Uterus_n | 0.0250 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0351 | 0.0435 | 0.8076 | 1.2383 |
| | Brust | 0.0576 | 0.0489 | 1.1778 | 0.8490 |
| | Duenn darm | 0.0337 | 0.0165 | 2.0391 | 0.4904 |
| | Eierstock | 0.0659 | 0.1353 | 0.4871 | 2.0531 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0801 | 0.0878 | 0.9121 | 1.0963 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0441 | 0.1203 | 0.3664 | 2.7294 |
| | Gehirn | 0.1072 | 0.0298 | 3.5998 | 0.2778 |
| | Haematopoetisch | 0.0201 | 0.1515 | 0.1323 | 7.5568 |
| | Haut | 0.0661 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0428 | 0.0582 | 0.7353 | 1.3600 |
| 15 | Herz | 0.0572 | 0.0687 | 0.8327 | 1.2010 |
| | Hoden | 0.0460 | 0.1988 | 0.2315 | 4.3193 |
| | Lunge | 0.0416 | 0.0634 | 0.6555 | 1.5255 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0290 | 0.0613 | 0.4727 | 2.1155 |
| | Muskel-Skelett | 0.0360 | 0.0180 | 1.9989 | 0.5003 |
| 20 | Niere | 0.0489 | 0.0411 | 1.1896 | 0.8406 |
| | Pankreas | 0.1371 | 0.0552 | 2.4829 | 0.4028 |
| | Penis | 0.0479 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0741 | 0.0426 | 1.7402 | 0.5747 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0203 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0534 | 0.0475 | 1.1223 | 0.8911 |
| | Uterus_allgemein | 0.0407 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0639 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0476 | | | |
| | Samenblase | 0.0623 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0588 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0546 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0696 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.1971 | | | |
| | Gehirn | 0.0500 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0551 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.1040 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0427 | | | |
| | Lunge | 0.1120 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.1521 | | | |
| | Niere | 0.0309 | | | |
| | Placenta | 0.1212 | | | |
| | Prostata | 0.0748 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0628 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0304 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0262 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.1220 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0285 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0356 | | | |
| | Hoden | 0.0309 | | | |
| | Lunge | 0.2211 | | | |
| | Nerven | 0.0502 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0615 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.1471 | | | |
| | Uterus_n | 0.0125 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0156 | 0.0077 | 2.0339 | 0.4917 |
| | Brust | 0.0307 | 0.0169 | 1.8147 | 0.5510 |
| | Duenn darm | 0.0123 | 0.0165 | 0.7415 | 1.3487 |
| | Eierstock | 0.0120 | 0.0416 | 0.2878 | 3.4745 |
| | Endokrines Gewebe | 0.0273 | 0.0176 | 1.5526 | 0.6441 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0153 | 0.0324 | 0.4733 | 2.1127 |
| | Gehirn | 0.0192 | 0.0154 | 1.2479 | 0.8013 |
| | Haematopoetisch | 0.0147 | 0.0379 | 0.3882 | 2.5762 |
| | Haut | 0.0220 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0238 | 0.0065 | 3.6765 | 0.2720 |
| 15 | Herz | 0.0170 | 0.0137 | 1.2336 | 0.8107 |
| | Hoden | 0.0230 | 0.0234 | 0.9839 | 1.0163 |
| | Lunge | 0.0177 | 0.0204 | 0.8637 | 1.1579 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0154 | 0.0060 | 2.5700 | 0.3891 |
| 20 | Niere | 0.0190 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0132 | 0.0166 | 0.7977 | 1.2536 |
| | Penis | 0.0240 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0109 | 0.0106 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0338 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0305 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein | 0.0204 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0416 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0208 | | | |
| | Samenblase | 0.0178 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0087 | | | |
| | Zervix | 0.0213 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0278 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| | Gehirn | 0.0438 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0427 | | | |
| | Lunge | 0.0145 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0377 | | | |
| | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | |
| | Eierstock_n | 0.1595 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0111 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0097 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0491 | | | |
| | Nerven | 0.0231 | | | |
| | Prostata | 0.0342 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0083 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0312 | 0.0153 | 2.0339 | 0.4917 |
| | Brust | 0.0192 | 0.0320 | 0.6005 | 1.6654 |
| | Duendarm | 0.0245 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0060 | 0.0416 | 0.1439 | 6.9489 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0273 | 0.0451 | 0.6038 | 1.6562 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0230 | 0.0093 | 2.4850 | 0.4024 |
| | Gehirn | 0.0177 | 0.0164 | 1.0799 | 0.9260 |
| | Haematopoetisch | 0.0174 | 0.0379 | 0.4587 | 2.1798 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0381 | 0.0065 | 5.8824 | 0.1700 |
| 15 | Herz | 0.0159 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0115 | 0.0351 | 0.3280 | 3.0489 |
| | Lunge | 0.0187 | 0.0123 | 1.5241 | 0.6561 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0460 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0109 | 0.0205 | 0.5287 | 1.8915 |
| | Pankreas | 0.0083 | 0.0166 | 0.4986 | 2.0057 |
| | Penis | 0.0180 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0131 | 0.0064 | 2.0473 | 0.4885 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0405 | 0.0528 | 0.7682 | 1.3018 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0305 | 0.0204 | 1.4964 | 0.6683 |
| | Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0327 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0165 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0557 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0222 | | | |
| | Gehirn | 0.0250 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0118 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0249 | | | |
| | Lunge | 0.0181 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0242 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0272 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0152 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0151 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0259 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0246 | | | |
| | Nerven | 0.0341 | | | |
| | Prostata | 0.0274 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0125 | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|-------------------------------------|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0102 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0051 | 0.0395 | 0.1296 | 7.7146 |
| | Duenn darm | 0.0092 | 0.0165 | 0.5561 | 1.7982 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0312 | 0.0959 | 10.4234 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0050 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0139 | 0.2761 | 3.6217 |
| | Gehirn | 0.0081 | 0.0113 | 0.7200 | 1.3890 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0074 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0062 | 0.0020 | 3.0482 | 0.3281 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0077 | 1.2605 | 0.7933 |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0120 | 0.2856 | 3.5020 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0030 | 0.1066 | 0.0281 | 35.6140 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0043 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0087 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0244 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0010 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0333 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

| | | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | |
|-------------------------------------|------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | | 0.0486 | | 0.4014 | 2.4911 |
| | Brust | 0.0064 | | 0.0338 | | 0.1890 | 5.2900 |
| | Duendarm | 0.0153 | | 0.0165 | | 0.9268 | 1.0789 |
| | Eierstock | 0.0030 | | 0.0182 | | 0.1645 | 6.0803 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0136 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0134 | | 0.0139 | | 0.9664 | 1.0348 |
| | Gehirn | 0.0052 | | 0.0123 | | 0.4200 | 2.3811 |
| | Haematopoetisch | 0.0361 | | 0.0379 | | 0.9528 | 1.0496 |
| | Haut | 0.0184 | | 0.0847 | | 0.2166 | 4.6168 |
| | Hepatisch | 0.0048 | | 0.0388 | | 0.1225 | 8.1599 |
| 15 | Herz | 0.0074 | | 0.0962 | | 0.0771 | 12.9706 |
| | Hoden | 0.0115 | | 0.0234 | | 0.4920 | 2.0326 |
| | Lunge | 0.0665 | | 0.0573 | | 1.1612 | 0.8612 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0193 | | 0.0383 | | 0.5042 | 1.9833 |
| | Muskel-Skelett | 0.0788 | | 0.0300 | | 2.6271 | 0.3807 |
| 20 | Niere | 0.0027 | | 0.0068 | | 0.3965 | 2.5219 |
| | Pankreas | 0.0116 | | 0.0166 | | 0.6980 | 1.4326 |
| | Penis | 0.0000 | | 0.0800 | | 0.0000 | undef |
| | Prostata | 0.0065 | | 0.0106 | | 0.6142 | 1.6282 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | | 0.0954 | | 0.0000 | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0128 | | | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0089 | | | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.1682 | | | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0111 | | | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | | | |
| | Placenta | 0.0364 | | | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | | | |
| | Eierstock_t | 0.0557 | | | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | | |
| | Foetal | 0.0064 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| | Uterus_n | 0.0125 | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0128 | 0.3051 | 3.2777 |
| | Brust | 0.0153 | 0.0038 | 4.0832 | 0.2449 |
| | Duenn darm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0208 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0068 | 0.0025 | 2.7170 | 0.3681 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0077 | 0.0046 | 1.6567 | 0.6036 |
| | Gehirn | 0.0052 | 0.0021 | 2.5199 | 0.3968 |
| | Haematopoetisch | 0.0174 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0844 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0201 | 0.0275 | 0.7324 | 1.3653 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0117 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0156 | 0.0061 | 2.5402 | 0.3937 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0060 | 0.5711 | 1.7510 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0050 | 0.0055 | 0.8974 | 1.1143 |
| | Penis | 0.0329 | 0.1066 | 0.3089 | 3.2376 |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0021 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0121 | | | |
| | Zervix | 0.0852 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0136 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0087 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0244 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0154 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0020 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0125 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

| | | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0117 | | 0.0102 | | 1.1441 | 0.8741 |
| | Brust | 0.0038 | | 0.0169 | | 0.2268 | 4.4083 |
| | Duennndarm | 0.0184 | | 0.0165 | | 1.1122 | 0.8991 |
| | Eierstock | 0.0000 | | 0.0182 | | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | | 0.0326 | | 0.1567 | 6.3796 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0057 | | 0.0093 | | 0.6213 | 1.6096 |
| | Gehirn | 0.0067 | | 0.0062 | | 1.0799 | 0.9260 |
| | Haematopoetisch | 0.0080 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0201 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0083 | | 0.0143 | | 0.5806 | 1.7223 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | | 0.0153 | | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | | 0.0060 | | 0.0000 | undef |
| 20 | Niere | 0.0109 | | 0.0137 | | 0.7930 | 1.2610 |
| | Pankreas | 0.0033 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0120 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0065 | | 0.0128 | | 0.5118 | 1.9538 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | | 0.0000 | | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | | 0.0068 | | 1.1223 | 0.8911 |
| | Uterus_allgemein | 0.0102 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | | | |
| | Samenblase | 0.0356 | | | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0052 | | | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | | | |
| | | | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0111 | | | | | |
| | Gehirn | 0.0125 | | | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0118 | | | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | | | | | |
| | Lunge | 0.0181 | | | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0126 | | | | | |
| | | | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | | |
| | Foetal | 0.0064 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0057 | | | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0130 | | | | | |
| 60 | Hoden | 0.0231 | | | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | | | |
| | Nerven | 0.0060 | | | | | |
| | Prostata | 0.0137 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0042 | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0078 | 0.0077 | 1.0170 | 0.9833 |
| | Brust | 0.0051 | 0.0094 | 0.5444 | 1.8368 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0156 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0119 | 0.0150 | 0.7925 | 1.2619 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0093 | 0.6213 | 1.6096 |
| | Gehirn | 0.0081 | 0.0082 | 0.9899 | 1.0102 |
| | Haematopoetisch | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0127 | 0.0412 | 0.3084 | 3.2426 |
| | Hoden | 0.0173 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0073 | 0.0307 | 0.2371 | 4.2179 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0290 | 0.0383 | 0.7563 | 1.3222 |
| | Muskel-Skelett | 0.0086 | 0.0060 | 1.4278 | 0.7004 |
| 20 | Niere | 0.0054 | 0.0274 | 0.1983 | 5.0439 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0166 | 0.1994 | 5.0142 |
| | Penis | 0.0150 | 0.0533 | 0.2808 | 3.5614 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0106 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0068 | 1.1223 | 0.8911 |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0035 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0121 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0064 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0130 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0328 | | | |
| | Nerven | 0.0040 | | | |
| | Prostata | 0.0274 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0083 | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0038 | 0.0132 | 0.2917 | 3.4287 |
| | Duenn darm | 0.0031 | 0.0165 | 0.1854 | 5.3946 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0182 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0075 | 0.6792 | 1.4722 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0015 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0137 | 0.0771 | 12.9706 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0145 | 0.0061 | 2.3708 | 0.4218 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0054 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0139 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0047 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0040 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0153 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0077 | 0.0113 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duennndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0286 | 0.1047 | 9.5548 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0075 | 0.4528 | 2.2083 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0093 | 0.2071 | 4.8289 |
| | Gehirn | 0.0059 | 0.0082 | 0.7200 | 1.3890 |
| | Haematopoetisch | 0.0067 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0115 | 0.0234 | 0.4920 | 2.0326 |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0061 | 0.3387 | 2.9526 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0054 | 0.0068 | 0.7930 | 1.2610 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0331 | 0.0499 | 20.0570 |
| | Penis | 0.0090 | 0.0267 | 0.3369 | 2.9678 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0021 | 2.0473 | 0.4885 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0116 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0114 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0070 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0125 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0051 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0115 | 0.0132 | 0.8750 | 1.1429 |
| | Duenn darm | 0.0337 | 0.0496 | 0.6797 | 1.4713 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0390 | 0.0768 | 13.0292 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0085 | 0.0251 | 0.3396 | 2.9444 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0747 | 0.0879 | 0.8501 | 1.1763 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0194 | 0.2451 | 4.0800 |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0351 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0042 | 0.0143 | 0.2903 | 3.4446 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0483 | 0.0077 | 6.3027 | 0.1587 |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0163 | 0.0137 | 1.1896 | 0.8406 |
| | Pankreas | 0.0231 | 0.0166 | 1.3960 | 0.7163 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0106 | 0.6142 | 1.6282 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0083 | | | |
| | Gehirn | 0.0188 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0108 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0035 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0244 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0246 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.1092 | 0.0460 | 2.3729 | 0.4214 |
| | Brust | 0.0627 | 0.0865 | 0.7249 | 1.3795 |
| | Duenn darm | 0.1012 | 0.1158 | 0.8739 | 1.1443 |
| | Eierstock | 0.0599 | 0.1509 | 0.3970 | 2.5190 |
| | Endokrines Gewebe | 0.0852 | 0.2984 | 0.2854 | 3.5039 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0900 | 0.0925 | 0.9733 | 1.0274 |
| | Gehirn | 0.1811 | 0.0637 | 2.8450 | 0.3515 |
| | Haematopoetisch | 0.0521 | 0.1136 | 0.4587 | 2.1798 |
| | Haut | 0.0587 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0809 | 0.0582 | 1.3889 | 0.7200 |
| 15 | Herz | 0.1092 | 0.0962 | 1.1344 | 0.8815 |
| | Hoden | 0.0230 | 0.0234 | 0.9839 | 1.0163 |
| | Lunge | 0.0634 | 0.1104 | 0.5739 | 1.7425 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0387 | 0.0460 | 0.8404 | 1.1900 |
| | Muskel-Skelett | 0.0463 | 0.0420 | 1.1014 | 0.9079 |
| 20 | Niere | 0.0706 | 0.1369 | 0.5155 | 1.9400 |
| | Pankreas | 0.0743 | 0.1049 | 0.7085 | 1.4114 |
| | Penis | 0.1467 | 0.0800 | 1.8345 | 0.5451 |
| | Prostata | 0.0567 | 0.0873 | 0.6491 | 1.5405 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0811 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.1067 | 0.1155 | 0.9242 | 1.0820 |
| | Uterus_allgemein | 0.0204 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.1407 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0713 | | | |
| | Samenblase | 0.0534 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0353 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0390 | | | |
| | Zervix | 0.0532 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.1113 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0694 | | | |
| | Gehirn | 0.0938 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0590 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0260 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.1281 | | | |
| | Lunge | 0.0397 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0507 | | | |
| | Niere | 0.0432 | | | |
| | Placenta | 0.0485 | | | |
| | Prostata | 0.0499 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.1381 | | | |
| | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0253 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0116 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0454 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0246 | | | |
| | Nerven | 0.0753 | | | |
| | Prostata | 0.0205 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0077 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0500 | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0051 | 0.7627 | 1.3111 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0038 | 0.3403 | 2.9389 |
| | Duenn darm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0130 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines Gewebe | 0.0034 | 0.0025 | 1.3585 | 0.7361 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0093 | 0.6213 | 1.6096 |
| | Gehirn | 0.0015 | 0.0041 | 0.3600 | 2.7779 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0061 | 0.1693 | 5.9051 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0136 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0010 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

| | | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse N/T T/N | |
|----|------------------------|-------------------------------------|-----------------------|-----------------------------|---------|
| 5 | Blase | 0.0117 | 0.0102 | 1.1441 | 0.8741 |
| | Brust | 0.0077 | 0.0075 | 1.0208 | 0.9796 |
| | Duennndarm | 0.0061 | 0.0331 | 0.1854 | 5.3946 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0390 | 0.0768 | 13.0292 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0093 | 0.2071 | 4.8289 |
| | Gehirn | 0.0044 | 0.0154 | 0.2880 | 3.4724 |
| | Haematopoetisch | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0095 | 0.0970 | 0.0980 | 10.1999 |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0115 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0789 | 0.0532 | 1.4850 | 0.6734 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0290 | 0.0077 | 3.7816 | 0.2644 |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0205 | 0.1322 | 7.5658 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0055 | 0.5983 | 1.6714 |
| | Penis | 0.0120 | 0.0267 | 0.4493 | 2.2259 |
| | Prostata | 0.0153 | 0.0021 | 7.1654 | 0.1396 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | |
| | Samenblase | 0.0445 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.1411 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0026 | | | |
| | Zervix | 0.1917 | | | |
| | | | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0340 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | _Foetal | 0.0047 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0013 | 0.0056 | 0.2268 | 4.4083 |
| | Duendarm | 0.0092 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0130 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0093 | 0.0000 | undef |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0021 | 0.3600 | 2.7779 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0095 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0234 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0021 | 0.0020 | 1.0161 | 0.9842 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0017 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0735 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0057 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0010 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0083 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0026 | 1.5254 | 0.6555 |
| | Brust | 0.0090 | 0.0056 | 1.5879 | 0.6298 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0156 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0025 | 2.0377 | 0.4907 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0046 | 0.4142 | 2.4145 |
| | Gehirn | 0.0015 | 0.0041 | 0.3600 | 2.7779 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0074 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0103 | 0.0060 | 1.7133 | 0.5837 |
| 20 | Niere | 0.0081 | 0.0068 | 1.1896 | 0.8406 |
| | Pankreas | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0064 | 0.6824 | 1.4654 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0059 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 35 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 40 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 45 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 50 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 55 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 60 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 65 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

| | | %Haeufigkeit |
|----|-------------------|--------------|
| 55 | Brust | 0.0204 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0101 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0134 |
| 60 | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 |
| | Haut-Muskel | 0.0097 |
| | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0164 |
| 65 | Nerven | 0.0100 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0077 |
| | Uterus_n | 0.0042 |
| | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0312 | 0.0179 | 1.7434 | 0.5736 |
| | Brust | 0.0205 | 0.0244 | 0.8376 | 1.1939 |
| | Duennndarm | 0.0675 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0060 | 0.0442 | 0.1354 | 7.3832 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0051 | 0.0025 | 2.0377 | 0.4907 |
| | Gastrointestinal | 0.0862 | 0.0463 | 1.8638 | 0.5365 |
| | Gehirn | 0.0067 | 0.0133 | 0.4984 | 2.0063 |
| | Haematopoetisch | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0477 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0143 | 0.0388 | 0.3676 | 2.7200 |
| | Herz | 0.0212 | 0.0412 | 0.5140 | 1.9456 |
| | Hoden | 0.0230 | 0.0234 | 0.9839 | 1.0163 |
| 20 | Lunge | 0.0374 | 0.0450 | 0.8313 | 1.2029 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0290 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0137 | 0.0600 | 0.2284 | 4.3775 |
| | Niere | 0.0054 | 0.0274 | 0.1983 | 5.0439 |
| 25 | Pankreas | 0.0066 | 0.0442 | 0.1496 | 6.6857 |
| | Penis | 0.0449 | 0.0267 | 1.6847 | 0.5936 |
| | Prostata | 0.0240 | 0.0234 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0229 | 0.0136 | 1.6834 | 0.5940 |
| | Uterus_allgemein | 0.0255 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0384 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0238 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0534 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0303 | | | |
| | Zervix | 0.0319 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0278 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0213 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0182 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0304 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0064 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0227 | | | |
| | Hoden | 0.0309 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0020 | | | |
| | Prostata | 0.0137 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0077 | 0.5085 | 1.9666 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0188 | 0.0000 | undef |
| | Duennndarm | 0.0245 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0120 | 0.0442 | 0.2709 | 3.6916 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0025 | 0.0000 | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0134 | 0.0185 | 0.7248 | 1.3797 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0072 | 0.1029 | 9.7228 |
| | Haematopoetisch | 0.0321 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0129 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0234 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0478 | 0.0450 | 1.0623 | 0.9414 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0676 | 0.0690 | 0.9804 | 1.0200 |
| | Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Pankreas | 0.0116 | 0.0055 | 2.0940 | 0.4775 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0128 | 0.5118 | 1.9538 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.1101 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0139 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0029 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0366 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0234 | 0.0588 | 0.3979 | 2.5129 |
| | Brust | 0.0179 | 0.0507 | 0.3529 | 2.8339 |
| | Duennndarm | 0.0245 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0180 | 0.0546 | 0.3289 | 3.0402 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0324 | 0.0251 | 1.2906 | 0.7749 |
| | Gastrointestinal | 0.0364 | 0.0786 | 0.4629 | 2.1603 |
| | Gehirn | 0.0067 | 0.0216 | 0.3086 | 3.2409 |
| | Haematopoetisch | 0.0174 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0323 | 0.1471 | 6.7999 |
| | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0115 | 0.0117 | 0.9839 | 1.0163 |
| 20 | Lunge | 0.0270 | 0.0225 | 1.2008 | 0.8328 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0290 | 0.0383 | 0.7563 | 1.3222 |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0060 | 0.5711 | 1.7510 |
| | Niere | 0.0326 | 0.0616 | 0.5287 | 1.8915 |
| 25 | Pankreas | 0.0132 | 0.0607 | 0.2176 | 4.5964 |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0458 | 0.0617 | 0.7412 | 1.3491 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0152 | 0.0068 | 2.2445 | 0.4455 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0352 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0476 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0356 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0353 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0069 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0167 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0125 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0325 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0303 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| 60 | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0136 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0253 | | | |
| 65 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0169 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0488 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0114 | | | |
| 70 | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0231 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0100 | | | |
| 75 | Prostata | 0.0205 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0077 | | | |
| | Uterus_n | 0.0083 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0351 | 0.0256 | 1.3729 | 0.7284 |
| | Brust | 0.0077 | 0.0094 | 0.8166 | 1.2245 |
| | Duennndarm | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0156 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0211 | 0.0463 | 0.4556 | 2.1950 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0125 | 0.0204 | 0.6096 | 1.6403 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0290 | 0.0307 | 0.9454 | 1.0578 |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0244 | 0.0068 | 3.5687 | 0.2802 |
| | Pankreas | 0.0066 | 0.0110 | 0.5983 | 1.6714 |
| | Penis | 0.0090 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0109 | 0.0170 | 0.6398 | 1.5631 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0954 | 0.0000 | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0178 | | | |
| | Samenblase | 0.0178 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0242 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| | | | | | |
| 55 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0272 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| 60 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0023 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 65 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0410 | | | |
| | Nerven | 0.0010 | | | |
| | Prostata | 0.0137 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0312 | 0.0230 | 1.3559 | 0.7375 |
| | Brust | 0.0435 | 0.0320 | 1.3611 | 0.7347 |
| | Duennndarm | 0.0429 | 0.0165 | 2.5952 | 0.3853 |
| | Eierstock | 0.0210 | 0.0676 | 0.3100 | 3.2263 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0341 | 0.0752 | 0.4528 | 2.2083 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0230 | 0.0185 | 1.2425 | 0.8048 |
| | Gehirn | 0.0525 | 0.0554 | 0.9466 | 1.0564 |
| | Haematopoetisch | 0.0067 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0330 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0143 | 0.0259 | 0.5515 | 1.8133 |
| 15 | Herz | 0.0329 | 0.0962 | 0.3414 | 2.9288 |
| | Hoden | 0.0115 | 0.0117 | 0.9839 | 1.0163 |
| | Lunge | 0.0166 | 0.0327 | 0.5080 | 1.9684 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0193 | 0.0307 | 0.6303 | 1.5866 |
| | Muskel-Skelett | 0.0343 | 0.0240 | 1.4278 | 0.7004 |
| 20 | Niere | 0.0624 | 0.0822 | 0.7600 | 1.3158 |
| | Pankreas | 0.0182 | 0.0055 | 3.2906 | 0.3039 |
| | Penis | 0.0419 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0174 | 0.0405 | 0.4310 | 2.3202 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.1055 | 0.1280 | 7.8106 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0381 | 0.0136 | 2.8057 | 0.3564 |
| | Uterus_allgemein | 0.0662 | 0.0954 | 0.6939 | 1.4412 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0608 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0476 | | | |
| | Samenblase | 0.0623 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0035 | | | |
| | Zervix | 0.0213 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0278 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0500 | | | |
| | Gehirn | 0.0876 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0142 | | | |
| | Lunge | 0.0434 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0556 | | | |
| | Placenta | 0.0364 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.1130 | | | |
| 50 | | | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0490 | | | |
| | Foetal | 0.0047 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0488 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0356 | | | |
| | Hoden | 0.0154 | | | |
| | Lunge | 0.0410 | | | |
| | Nerven | 0.0402 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0205 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0375 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0195 | 0.0639 | 0.3051 | 3.2777 |
| | Brust | 0.0333 | 0.0470 | 0.7077 | 1.4129 |
| | Duennndarm | 0.0399 | 0.1819 | 0.2191 | 4.5647 |
| | Eierstock | 0.0150 | 0.0702 | 0.2132 | 4.6905 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0238 | 0.0903 | 0.2642 | 3.7857 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0900 | 0.1110 | 0.8111 | 1.2329 |
| | Gehirn | 0.0067 | 0.0267 | 0.2492 | 4.0126 |
| | Haematopoetisch | 0.0067 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0587 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0143 | 0.0323 | 0.4412 | 2.2666 |
| 15 | Herz | 0.0011 | 0.0962 | 0.0110 | 90.7941 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0234 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0062 | 0.0184 | 0.3387 | 2.9526 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0483 | 0.3527 | 0.1370 | 7.2985 |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0360 | 0.0000 | undef |
| 20 | Niere | 0.0733 | 0.1575 | 0.4655 | 2.1483 |
| | Pankreas | 0.0694 | 0.0276 | 2.5128 | 0.3980 |
| | Penis | 0.0090 | 0.0533 | 0.1685 | 5.9357 |
| | Prostata | 0.0109 | 0.0255 | 0.4265 | 2.3446 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0270 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0272 | 0.2806 | 3.5642 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.4771 | 0.0000 | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0576 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | |
| | Samenblase | 0.1068 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0061 | | | |
| | Zervix | 0.0319 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0111 | | | |
| | Gehirn | 0.0813 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0145 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0309 | | | |
| | Placenta | 0.0121 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0136 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0122 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.4149 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0154 | | | |
| | Lunge | 0.0573 | | | |
| | Nerven | 0.0040 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0078 | 0.0204 | 0.3814 | 2.6222 |
| | Brust | 0.0102 | 0.0132 | 0.7777 | 1.2858 |
| | Duenn darm | 0.0153 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0208 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0119 | 0.0075 | 1.5849 | 0.6309 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0307 | 0.0093 | 3.3134 | 0.3018 |
| | Gehirn | 0.0111 | 0.0144 | 0.7714 | 1.2964 |
| | Haematopoetisch | 0.0094 | 0.0379 | 0.2470 | 4.0483 |
| | Haut | 0.0441 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0095 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0170 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0229 | 0.0245 | 0.9314 | 1.0737 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0120 | 0.2856 | 3.5020 |
| 20 | Niere | 0.0190 | 0.0205 | 0.9252 | 1.0808 |
| | Pankreas | 0.0083 | 0.0110 | 0.7479 | 1.3371 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0267 | 0.1123 | 8.9035 |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0106 | 0.6142 | 1.6282 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0405 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0272 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0096 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0191 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0278 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0083 | | | |
| | Gehirn | 0.0188 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0185 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0041 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0097 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0131 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0125 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0051 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0051 | 0.0132 | 0.3889 | 2.5715 |
| | Duenndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0156 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0034 | 0.0125 | 0.2717 | 3.6805 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0077 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0037 | 0.0062 | 0.6000 | 1.6668 |
| | Haematopoetisch | 0.0080 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | 0.0129 | 0.3676 | 2.7200 |
| 15 | Herz | 0.0032 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0093 | 0.0123 | 0.7621 | 1.3122 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0153 | 0.6303 | 1.5866 |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0068 | 0.3965 | 2.5219 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0055 | 0.2991 | 3.3428 |
| | Penis | 0.0090 | 0.0267 | 0.3369 | 2.9678 |
| | Prostata | 0.0392 | 0.0213 | 1.8425 | 0.5427 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0238 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0104 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0072 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0247 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0105 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0285 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0324 | | | |
| | Hoden | 0.0077 | | | |
| | Lunge | 0.0246 | | | |
| | Nerven | 0.0020 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0410 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0167 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

| | | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------|--------------|---------|---------------|-----|
| | | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0078 | 0.0102 | 0.7627 | 1.3111 | | |
| | Brust | 0.0166 | 0.0282 | 0.5898 | 1.6955 | | |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Eierstock | 0.0060 | 0.0390 | 0.1535 | 6.5146 | | |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0392 | 0.0527 | 0.7439 | 1.3442 | | |
| | Gastrointestinal | 0.0153 | 0.0370 | 0.4142 | 2.4145 | | |
| | Gehirn | 0.0059 | 0.0072 | 0.8228 | 1.2153 | | |
| | Haematopoetisch | 0.0080 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| 15 | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0129 | 0.0000 | undef | | |
| | Herz | 0.0064 | 0.0687 | 0.0925 | 10.8088 | | |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| 20 | Lunge | 0.0239 | 0.0470 | 0.5080 | 1.9684 | | |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef | | |
| | Muskel-Skelett | 0.0120 | 0.0120 | 0.9994 | 1.0006 | | |
| | Niere | 0.0299 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| 25 | Pankreas | 0.0182 | 0.0110 | 1.6453 | 0.6078 | | |
| | Penis | 0.0210 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Prostata | 0.0305 | 0.0106 | 2.8662 | 0.3489 | | |
| | Uterus_Endometrium | 0.0203 | 0.1055 | 0.1920 | 5.2070 | | |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0136 | 0.5611 | 1.7821 | | |
| | Uterus_allgemein | 0.0102 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0352 | | | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0446 | | | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0267 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0353 | | | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0147 | | | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | | | |
| 40 | FOETUS | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0222 | | | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0197 | | | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0178 | | | | | |
| | Lunge | 0.0145 | | | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | | | |
| | Niere | 0.0185 | | | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0126 | | | | | |
| | | | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Brust | 0.0068 | | | | | |
| | Eierstock_n | 0.1595 | | | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0101 | | | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | | |
| | Foetal | 0.0408 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0366 | | | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0259 | | | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | | | |
| | Lunge | 0.0410 | | | | | |
| 75 | Nerven | 0.0151 | | | | | |
| | Prostata | 0.0342 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0155 | | | | | |
| | Uterus_n | 0.0125 | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0117 | 0.0460 | 0.2542 | 3.9333 |
| | Brust | 0.0192 | 0.0376 | 0.5104 | 1.9593 |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0496 | 0.0000 | undef |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0234 | 0.1279 | 7.8175 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0147 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0062 | 0.0102 | 0.6096 | 1.6403 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0271 | 0.0137 | 1.9826 | 0.5044 |
| | Pankreas | 0.0132 | 0.0221 | 0.5983 | 1.6714 |
| | Penis | 0.0030 | 0.0267 | 0.1123 | 8.9035 |
| | Prostata | 0.0240 | 0.0298 | 0.8043 | 1.2434 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0528 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0954 | 0.0000 | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0352 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0149 | | | |
| | Samenblase | 0.0089 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0106 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 50 | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0408 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0608 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0122 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0246 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0205 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0051 | 0.7627 | 1.3111 |
| | Brust | 0.0051 | 0.0207 | 0.2475 | 4.0410 |
| | Duenn darm | 0.0123 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0338 | 0.0886 | 11.2920 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0025 | 0.6792 | 1.4722 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0038 | 0.0185 | 0.2071 | 4.8289 |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0092 | 0.2400 | 4.1669 |
| | Haematopoetisch | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0847 | 0.0433 | 23.0839 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0053 | 0.0275 | 0.1927 | 5.1882 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0042 | 0.0041 | 1.0161 | 0.9842 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0109 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0055 | 0.5983 | 1.6714 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0135 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0178 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0213 | | | |

| | | |
|----|-------------------|--------|
| 35 | FOETUS | |
| | %Haeufigkeit | |
| | Entwicklung | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0028 |
| | Gehirn | 0.0000 |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0079 |
| | Haut | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0071 |
| | Lunge | 0.0036 |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 |
| | Niere | 0.0062 |
| | Placenta | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0249 |
| | Sinnesorgane | 0.0251 |
| 50 | | |

| | | |
|----|-------------------------------------|--------|
| 55 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | |
| | %Haeufigkeit | |
| | Brust | 0.0000 |
| | Eierstock_n | 0.0000 |
| | Eierstock_t | 0.0354 |
| 60 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 |
| | Foetal | 0.0035 |
| | Gastrointestinal | 0.0122 |
| | Haematopoetisch | 0.0114 |
| | Haut-Muskel | 0.0000 |
| 65 | Hoden | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0000 |
| | Nerven | 0.0020 |
| | Prostata | 0.0000 |
| | Sinnesorgane | 0.0155 |
| | Uterus_n | 0.0375 |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

| | | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--|--------------|--|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0117 | | 0.0409 | | 0.2860 | 3.4963 |
| | Brust | 0.0256 | | 0.0376 | | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duendarm | 0.0399 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0090 | | 0.0390 | | 0.2303 | 4.3431 |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0477 | | 0.0702 | | 0.6792 | 1.4722 |
| | Gastrointestinal | 0.0479 | | 0.0231 | | 2.0708 | 0.4829 |
| | Gehirn | 0.0229 | | 0.0349 | | 0.6564 | 1.5234 |
| | Haematopoetisch | 0.0281 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0624 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0048 | | 0.0259 | | 0.1838 | 5.4400 |
| | Herz | 0.0519 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0230 | | 0.0468 | | 0.4920 | 2.0326 |
| 20 | Lunge | 0.0270 | | 0.0491 | | 0.5504 | 1.8170 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0387 | | 0.0230 | | 1.6807 | 0.5950 |
| | Muskel-Skelett | 0.0377 | | 0.0840 | | 0.4487 | 2.2286 |
| | Niere | 0.0462 | | 0.0411 | | 1.1235 | 0.8901 |
| 25 | Pankreas | 0.0116 | | 0.0276 | | 0.4188 | 2.3877 |
| | Penis | 0.0150 | | 0.0533 | | 0.2808 | 3.5614 |
| | Prostata | 0.0283 | | 0.0490 | | 0.5786 | 1.7284 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0541 | | 0.0528 | | 1.0243 | 0.9763 |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0305 | | 0.0272 | | 1.1223 | 0.8911 |
| | Uterus_allgemein | 0.0255 | | 0.0000 | | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0192 | | | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0386 | | | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0267 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0353 | | | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0312 | | | | | |
| | Zervix | 0.0213 | | | | | |
| 40 | FOETUS | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0611 | | | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0063 | | | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0157 | | | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0320 | | | | | |
| | Lunge | 0.0397 | | | | | |
| | Nebenniere | 0.0507 | | | | | |
| | Niere | 0.0247 | | | | | |
| 55 | Placenta | 0.0303 | | | | | |
| | Prostata | 0.1247 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0377 | | | | | |
| | | | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | | | |
| | Eierstock_n | 0.1595 | | | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0000 | | | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | | |
| | Foetal | 0.0029 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | | | |
| 75 | Nerven | 0.0050 | | | | | |
| | Prostata | 0.0068 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

| | | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|------------------------|-----------------------|---------------|--------|
| | | | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0051 | 0.7627 | 1.3111 |
| | Brust | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenndarm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0702 | 0.0000 | undef |
| 10 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gastrointestinal | 0.0192 | 0.0185 | 1.0354 | 0.9658 |
| | Gehirn | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Lunge | 0.0052 | 0.0020 | 2.5402 | 0.3937 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0193 | 0.0230 | 0.8404 | 1.1900 |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0017 | 0.0110 | 0.1496 | 6.6857 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0954 | 0.0000 | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0047 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0114 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0010 | | | |
| | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0167 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0038 | 0.0038 | 1.0208 | 0.9796 |
| | Duenn darm | 0.0061 | 0.0165 | 0.3707 | 2.6973 |
| | Eierstock | 0.0030 | 0.0208 | 0.1439 | 6.9489 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0102 | 0.0025 | 4.0755 | 0.2454 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0057 | 0.0046 | 1.2425 | 0.8048 |
| | Gehirn | 0.0030 | 0.0031 | 0.9599 | 1.0417 |
| | Haematopoetisch | 0.0094 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0095 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0073 | 0.0123 | 0.5927 | 1.6872 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0081 | 0.0068 | 1.1896 | 0.8406 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0055 | 0.2991 | 3.3428 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0065 | 0.0021 | 3.0709 | 0.3256 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0078 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0260 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0035 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| | Hoden | 0.0154 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0060 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0208 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0078 | 0.0128 | 0.6102 | 1.6389 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Duenn darm | 0.0092 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0208 | 0.0000 | undef |
| 10 | Endokrines Gewebe | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gastrointestinal | 0.0517 | 0.0879 | 0.5886 | 1.6991 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0381 | 0.0518 | 0.7353 | 1.3600 |
| | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Lunge | 0.0010 | 0.0164 | 0.0635 | 15.7470 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0290 | 0.0230 | 1.2605 | 0.7933 |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Pankreas | 0.0033 | 0.0110 | 0.2991 | 3.3428 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0043 | 0.5118 | 1.9538 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 30 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| 35 | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 40 | FOETUS | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 45 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 50 | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| 55 | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 60 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| 65 | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 70 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 75 | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

| | | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|------------------------|-----------------------|---------------|--------|
| | | | | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0000 | 0.0026 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0013 | 0.0056 | 0.2268 | 4.4083 |
| | Duennndarm | 0.0031 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0156 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0046 | 0.4142 | 2.4145 |
| | Gehirn | 0.0022 | 0.0031 | 0.7200 | 1.3890 |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0042 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0061 | 0.1693 | 5.9051 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0097 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0068 | 0.3965 | 2.5219 |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Penis | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0022 | 0.0021 | 1.0236 | 0.9769 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0068 | 0.0000 | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0030 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0043 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 35 | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0260 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| 50 | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0023 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0114 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0082 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0068 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0155 | | | |
| 65 | Uterus_n | 0.0000 | | | |
| | | | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0117 | 0.0153 | 0.7627 | 1.3111 |
| | Brust | 0.0026 | 0.0132 | 0.1944 | 5.1431 |
| | Duenn darm | 0.0031 | 0.0165 | 0.1854 | 5.3946 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0156 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0019 | 0.0046 | 0.4142 | 2.4145 |
| | Gehirn | 0.0030 | 0.0062 | 0.4800 | 2.0835 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.1760 | 0.0518 | 3.4008 | 0.2941 |
| 15 | Herz | 0.0021 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0058 | 0.0117 | 0.4920 | 2.0326 |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0082 | 0.1270 | 7.8735 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0188 | 0.0060 | 3.1411 | 0.3184 |
| 20 | Niere | 0.0081 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Penis | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0174 | 0.0277 | 0.6299 | 1.5875 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0000 | 0.0528 | 0.0000 | undef |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0954 | 0.0000 | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0032 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0119 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0009 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0203 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0035 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0010 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.1053 | 0.1125 | 0.9361 | 1.0683 |
| | Brust | 0.1164 | 0.1015 | 1.1468 | 0.8720 |
| | Duenn darm | 0.0491 | 0.0662 | 0.7415 | 1.3487 |
| | Eierstock | 0.0479 | 0.1015 | 0.4723 | 2.1173 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0562 | 0.0251 | 2.2415 | 0.4461 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.1015 | 0.1758 | 0.5777 | 1.7311 |
| | Gehirn | 0.0296 | 0.1273 | 0.2322 | 4.3058 |
| | Haematopoetisch | 0.0535 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.2166 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0809 | 0.1035 | 0.7813 | 1.2800 |
| 15 | Herz | 0.4133 | 0.2612 | 1.5825 | 0.6319 |
| | Hoden | 0.0748 | 0.0468 | 1.5989 | 0.6254 |
| | Lunge | 0.1506 | 0.1227 | 1.2278 | 0.8145 |
| | Magen-Speiserohre | 0.2126 | 0.1073 | 1.9808 | 0.5048 |
| | Muskel-Skelett | 0.0805 | 0.1680 | 0.4793 | 2.0863 |
| 20 | Niere | 0.0543 | 0.0890 | 0.6100 | 1.6393 |
| | Pankreas | 0.0562 | 0.1712 | 0.3281 | 3.0479 |
| | Penis | 0.1497 | 0.2399 | 0.6240 | 1.6026 |
| | Prostata | 0.0850 | 0.0362 | 2.3483 | 0.4258 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0541 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0457 | 0.1019 | 0.4489 | 2.2276 |
| | Uterus_allgemein | 0.0560 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0991 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0832 | | | |
| | Samenblase | 0.0801 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.1059 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0720 | | | |
| | Zervix | 0.0639 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0835 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0361 | | | |
| | Gehirn | 0.0063 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0433 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0961 | | | |
| | Lunge | 0.0867 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0761 | | | |
| | Niere | 0.0309 | | | |
| | Placenta | 0.1151 | | | |
| | Prostata | 0.5984 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0251 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0544 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0466 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0610 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0421 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.1474 | | | |
| | Nerven | 0.0110 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0205 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0042 | | | |

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | Blase | 0.0039 | 0.0026 | 1.5254 | 0.6555 |
| | Brust | 0.0013 | 0.0019 | 0.6805 | 1.4694 |
| | Duenn darm | 0.0061 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0182 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0017 | 0.0075 | 0.2264 | 4.4166 |
| 10 | Gastrointestinal | 0.0000 | 0.0093 | 0.0000 | undef |
| | Gehirn | 0.0030 | 0.0021 | 1.4399 | 0.6945 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0065 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0053 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0115 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0010 | 0.0061 | 0.1693 | 5.9051 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0077 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0086 | 0.0060 | 1.4278 | 0.7004 |
| 20 | Niere | 0.0027 | 0.0205 | 0.1322 | 7.5658 |
| | Pankreas | 0.0066 | 0.0055 | 1.1966 | 0.8357 |
| | Penis | 0.0060 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0044 | 0.0021 | 2.0473 | 0.4885 |
| | Uterus_Endometrium | 0.0068 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Uterus_Myometrium | 0.0076 | 0.0068 | 1.1223 | 0.8911 |
| | Uterus_allgemein | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust-Hyperplasie | 0.0064 | | | |
| | Prostata-Hyperplasie | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |
| | Zervix | 0.0000 | | | |
| 35 | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| 40 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| 45 | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0182 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 50 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Brust | 0.0000 | | | |
| 55 | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0134 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 60 | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0130 | | | |
| | Hoden | 0.0000 | | | |
| | Lunge | 0.0164 | | | |
| | Nerven | 0.0030 | | | |
| 65 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Uterus_n | 0.0125 | | | |

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 258

| | | NORMAL | | TUMOR | | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------|--------------|--------|---------------|-----|
| | | %Haeufigkeit | | %Haeufigkeit | | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0025 | 0.0000 | 0.0000 | undef | 0.0000 | |
| | Blase | 0.0000 | 0.0047 | 0.0000 | undef | | |
| | Brust | 0.0018 | 0.0014 | 1.2524 | 0.7985 | | |
| | Dickdarm | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Duenndarm | 0.0027 | 0.0213 | 0.1288 | 7.7625 | | |
| 10 | Eierstock | 0.0000 | 0.0167 | 0.0000 | undef | | |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0064 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Gehirn | 0.0012 | 0.0010 | 1.1605 | 0.8617 | | |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| 15 | Herz | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Hoden | 0.0080 | 0.0118 | 0.6786 | 1.4737 | | |
| | Lunge | 0.0029 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0037 | 0.0000 | undef | | |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Prostata | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | T_Lymphom | 0.0025 | 0.0000 | undef | 0.0000 | | |
| | Uterus | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef | | |
| | Haematopoetisch | 0.0040 | | | | | |
| | Penis | 0.0000 | | | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| 30 | | | | | | | |
| | FOETUS | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | | | |
| 35 | Gastrointestinal | 0.0000 | | | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | | | |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | | | |
| 45 | Prostata | 0.0000 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | | | |
| 50 | Brust | 0.0000 | | | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | | | |
| | Foetal | 0.0035 | | | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0194 | | | | | |
| 60 | Hoden_n | 0.0000 | | | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | | | |
| | Lunge_n | 0.0098 | | | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | | | |
| | Nerven | 0.0030 | | | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0000 | | | | | |
| | Prostata_n | 0.0121 | | | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | | | |

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 259

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Blase | 0.0117 | 0.0023 | 4.9785 | 0.2009 |
| | Brust | 0.0070 | 0.0014 | 5.0097 | 0.1996 |
| | Dickdarm | 0.0000 | 0.0057 | 0.0000 | undef |
| 10 | Duenndarm | 0.0082 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Eierstock | 0.0000 | 0.0119 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0032 | 0.0089 | 0.3621 | 2.7613 |
| | Gehirn | 0.0006 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Herz | 0.0081 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0145 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0037 | 0.0000 | undef |
| | Niere | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | T_Lymphom | 0.0025 | 0.0075 | 0.3381 | 2.9576 |
| 25 | Uterus | 0.0059 | 0.0138 | 0.4284 | 2.3344 |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | | | |
| | Penis | 0.0080 | | | |
| | Samenblase | 0.0141 | | | |
| 30 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| 35 | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | | | |
| | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| 45 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0000 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0070 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| 60 | Hoden_n | 0.0084 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0195 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0000 | | | |
| | Prostata_n | 0.0061 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 260

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|---------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Blase | 0.0000 | 0.0023 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0062 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Dickdarm | 0.0019 | 0.0085 | 0.2243 | 4.4591 |
| | Duenn darm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Eierstock | 0.0000 | 0.0525 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0032 | 0.0071 | 0.4527 | 2.2091 |
| | Gehirn | 0.0023 | 0.0020 | 1.1605 | 0.8617 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0063 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0088 | 0.0037 | 2.3680 | 0.4223 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0022 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0083 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0028 | 0.0013 | 2.1706 | 0.4607 |
| | T_Lymphom | 0.0051 | 0.0224 | 0.2254 | 4.4364 |
| | Uterus | 0.0015 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0027 | 0.0304 | 0.0902 | 11.0896 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | | | |
| | Penis | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0070 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| 35 | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| 40 | Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | | | |
| | Lunge | 0.0036 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| 45 | Prostata | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0251 | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0000 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0098 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| 60 | Hoden_n | 0.0000 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0000 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0060 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0113 | | | |
| | Prostata_n | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 261

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0025 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0009 | 0.0014 | 0.6262 | 1.5969 |
| | Dickdarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenn darm | 0.0027 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Eierstock | 0.0000 | 0.0191 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0006 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0010 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0055 | 0.0000 | undef |
| | Prostata | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | T_Lymphom | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus | 0.0015 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0013 | | | |
| | Penis | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0070 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 35 | Gehirn | 0.0188 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| 40 | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 45 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0000 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0023 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden_n | 0.0000 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0000 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0023 | | | |
| | Prostata_n | 0.0061 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 262

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0150 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Blase | 0.0156 | 0.0023 | 6.6380 | 0.1506 |
| | Brust | 0.0158 | 0.0056 | 2.8179 | 0.3549 |
| | Dickdarm | 0.0038 | 0.0028 | 1.3456 | 0.7432 |
| | Duendarm | 0.0110 | 0.0320 | 0.3435 | 2.9109 |
| 10 | Eierstock | 0.0178 | 0.0334 | 0.5333 | 1.8752 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0064 | 0.0213 | 0.3018 | 3.3136 |
| | Gehirn | 0.0081 | 0.0060 | 1.3539 | 0.7386 |
| | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0139 | 0.0190 | 0.7324 | 1.3653 |
| 15 | Herz | 0.0193 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0080 | 0.0118 | 0.6786 | 1.4737 |
| | Lunge | 0.0175 | 0.0129 | 1.3531 | 0.7390 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0064 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0111 | 0.1546 | 6.4671 |
| 20 | Niere | 0.0045 | 0.0096 | 0.4642 | 2.1540 |
| | Pankreas | 0.0132 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0104 | 0.0091 | 1.1370 | 0.8795 |
| | T_Lymphom | 0.0101 | 0.0149 | 0.6762 | 1.4788 |
| | Uterus | 0.0192 | 0.0230 | 0.8353 | 1.1971 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0055 | 0.0304 | 0.1803 | 5.5448 |
| | Haematopoetisch | 0.0067 | | | |
| | Penis | 0.0080 | | | |
| | Samenblase | 0.0070 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| 35 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0275 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0142 | | | |
| 40 | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| | Placenta | 0.0121 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 45 | Sinnesorgane | 0.0251 | | | |
| | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0000 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0203 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0162 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0454 | | | |
| 60 | Hoden_n | 0.0125 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0000 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0100 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0293 | | | |
| | Prostata_n | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 263

| | | NORMAL %Haeufigkeit | TUMOR %Haeufigkeit | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|------------------------|-----------------------|---------------|--------|
| | | | | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0125 | 0.0136 | 0.9198 | 1.0872 |
| | Blase | 0.0039 | 0.0188 | 0.2075 | 4.8204 |
| | Brust | 0.0114 | 0.0281 | 0.4070 | 2.4568 |
| | Dickdarm | 0.0211 | 0.0142 | 1.4801 | 0.6756 |
| | Duenndarm | 0.0082 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Eierstock | 0.0089 | 0.0286 | 0.3111 | 3.2147 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0161 | 0.0151 | 1.0599 | 0.9435 |
| | Gehirn | 0.0211 | 0.0110 | 1.9234 | 0.5199 |
| | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0046 | 0.0127 | 0.3662 | 2.7307 |
| 15 | Herz | 0.0162 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0080 | 0.0178 | 0.4523 | 2.2108 |
| | Lunge | 0.0136 | 0.0111 | 1.2278 | 0.8145 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0072 | 0.0128 | 0.5666 | 1.7648 |
| | Muskel-Skelett | 0.0188 | 0.0185 | 1.0206 | 0.9799 |
| 20 | Niere | 0.0157 | 0.0145 | 1.0831 | 0.9232 |
| | Pankreas | 0.0083 | 0.0221 | 0.3739 | 2.6743 |
| | Prostata | 0.0123 | 0.0039 | 3.1352 | 0.3190 |
| | T_Lymphom | 0.0000 | 0.0149 | 0.0000 | undef |
| | Uterus | 0.0077 | 0.0230 | 0.3368 | 2.9694 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0082 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0094 | | | |
| | Penis | 0.0107 | | | |
| | Samenblase | 0.0070 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| 30 | | | | | |
| | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0111 | | | |
| 35 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0260 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | | | |
| 40 | Lunge | 0.0072 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 45 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| 50 | Brust | 0.0000 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.1595 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0203 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0069 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0488 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| 60 | Hoden_n | 0.0167 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0195 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0060 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0158 | | | |
| | Prostata_n | 0.0061 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 264

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0150 | 0.0136 | 1.1037 | 0.9060 |
| | Blase | 0.0273 | 0.0211 | 1.2907 | 0.7748 |
| | Brust | 0.0229 | 0.0632 | 0.3618 | 2.7639 |
| | Dickdarm | 0.0268 | 0.0256 | 1.0466 | 0.9555 |
| | Duenn darm | 0.0192 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Eierstock | 0.0089 | 0.0501 | 0.1778 | 5.6255 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0193 | 0.0142 | 1.3580 | 0.7364 |
| | Gehirn | 0.0041 | 0.0160 | 0.2539 | 3.9391 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0465 | 0.0254 | 1.8311 | 0.5461 |
| 15 | Herz | 0.0091 | 0.0412 | 0.2215 | 4.5144 |
| | Hoden | 0.0120 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0204 | 0.0185 | 1.1050 | 0.9049 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0290 | 0.0384 | 0.7557 | 1.3233 |
| | Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0185 | 0.3711 | 2.6946 |
| 20 | Niere | 0.0537 | 0.0289 | 1.8570 | 0.5385 |
| | Pankreas | 0.0380 | 0.0110 | 3.4403 | 0.2907 |
| | Prostata | 0.0330 | 0.0130 | 2.5323 | 0.3949 |
| | T_Lymphom | 0.0051 | 0.0075 | 0.6762 | 1.4788 |
| | Uterus | 0.0148 | 0.0138 | 1.0709 | 0.9338 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0075 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0147 | | | |
| | Penis | 0.0054 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| 30 | | | | | |
| | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0083 | | | |
| 35 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| 40 | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0062 | | | |
| | Placenta | 0.0121 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| 45 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| 50 | Brust | 0.0204 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0101 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0017 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0244 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden_n | 0.0000 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0000 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0040 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0090 | | | |
| | Prostata_n | 0.0121 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 265

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0000 | 0.0272 | 0.0000 | undef |
| | Blase | 0.0117 | 0.0023 | 4.9785 | 0.2009 |
| | Brust | 0.0141 | 0.0155 | 0.9109 | 1.0979 |
| | Dickdarm | 0.0920 | 0.0968 | 0.9498 | 1.0528 |
| | Duennndarm | 0.0247 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Eierstock | 0.0208 | 0.0882 | 0.2354 | 4.2478 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0016 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Gehirn | 0.0000 | 0.0010 | 0.0000 | undef |
| | Haut | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0444 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0165 | 0.0111 | 1.4909 | 0.6707 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0362 | 0.0128 | 2.8338 | 0.3529 |
| | Muskel-Skelett | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0166 | 0.0000 | undef |
| | Prostata | 0.0207 | 0.0352 | 0.5895 | 1.6963 |
| | T_Lymphom | 0.0025 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | | | |
| | Penis | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0915 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0278 | | | |
| 35 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| 40 | Lunge | 0.0108 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 45 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0000 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0253 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0023 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0244 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden_n | 0.0084 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0293 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0000 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0113 | | | |
| | Prostata_n | 0.0182 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 266

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0025 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Blase | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Brust | 0.0114 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Dickdarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duennndarm | 0.0055 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Eierstock | 0.0059 | 0.0525 | 0.1131 | 8.8401 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0161 | 0.0035 | 4.5268 | 0.2209 |
| | Gehirn | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haut | 0.0073 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0071 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Lunge | 0.0049 | 0.0037 | 1.3155 | 0.7601 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0017 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0470 | 0.0048 | 9.7491 | 0.1026 |
| | Pankreas | 0.0033 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0019 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | T_Lymphom | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus | 0.0044 | 0.0046 | 0.9638 | 1.0375 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Penis | 0.0080 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 35 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| 40 | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 45 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0068 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden_n | 0.0000 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0000 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0020 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0023 | | | |
| | Prostata_n | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 267

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Blase | 0.0000 | 0.0070 | 0.0000 | undef |
| | Brust | 0.0026 | 0.0014 | 1.8786 | 0.5323 |
| | Dickdarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Duenn darm | 0.0055 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Eierstock | 0.0000 | 0.0119 | 0.0000 | undef |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Gehirn | 0.0029 | 0.0010 | 2.9013 | 0.3447 |
| | Haut | 0.0000 | 0.0394 | 0.0000 | undef |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 15 | Herz | 0.0030 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0049 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0048 | 0.0000 | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Prostata | 0.0028 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | T_Lymphom | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| | Uterus | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0007 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Penis | 0.0054 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | | | | | |
| | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| 35 | Gehirn | 0.0063 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0000 | | | |
| 40 | Lunge | 0.0000 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0000 | | | |
| | Prostata | 0.0499 | | | |
| 45 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| 50 | Brust | 0.0000 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0035 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden_n | 0.0042 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0000 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0010 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0023 | | | |
| | Prostata_n | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 268

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0025 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Blase | 0.0117 | 0.0094 | 1.2446 | 0.8035 |
| | Brust | 0.0088 | 0.0253 | 0.3479 | 2.8744 |
| | Dickdarm | 0.0192 | 0.0028 | 6.7278 | 0.1486 |
| | Duenn darm | 0.0192 | 0.0213 | 0.9018 | 1.1089 |
| 10 | Eierstock | 0.0030 | 0.0143 | 0.2074 | 4.8219 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0193 | 0.0035 | 5.4321 | 0.1841 |
| | Gehirn | 0.0081 | 0.0249 | 0.3249 | 3.0774 |
| | Haut | 0.0184 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0093 | 0.0063 | 1.4649 | 0.6826 |
| 15 | Herz | 0.0112 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0040 | 0.0118 | 0.3393 | 2.9475 |
| | Lunge | 0.0126 | 0.0037 | 3.4204 | 0.2924 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0072 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0120 | 0.0037 | 3.2472 | 0.3080 |
| 20 | Niere | 0.0157 | 0.0048 | 3.2497 | 0.3077 |
| | Pankreas | 0.0050 | 0.0110 | 0.4487 | 2.2285 |
| | Prostata | 0.0104 | 0.0052 | 1.9897 | 0.5026 |
| | T_Lymphom | 0.0051 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus | 0.0163 | 0.0092 | 1.7670 | 0.5659 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | | | |
| | Penis | 0.0054 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0139 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| 35 | Gehirn | 0.0063 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0036 | | | |
| 40 | Lunge | 0.0036 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| | Placenta | 0.0121 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 45 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0000 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0051 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0023 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0257 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| 60 | Hoden_n | 0.0000 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0000 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0010 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0023 | | | |
| | Prostata_n | 0.0243 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 269

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0025 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Blase | 0.0156 | 0.0047 | 3.3190 | 0.3013 |
| | Brust | 0.0079 | 0.0014 | 5.6359 | 0.1774 |
| | Dickdarm | 0.0096 | 0.0057 | 1.6820 | 0.5945 |
| | Duenndarm | 0.0000 | 0.0000 | undef | undef |
| 10 | Eierstock | 0.0030 | 0.0191 | 0.1555 | 6.4291 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0064 | 0.0018 | 3.6214 | 0.2761 |
| | Gehirn | 0.0058 | 0.0060 | 0.9671 | 1.0340 |
| | Haut | 0.0037 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0127 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0091 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0080 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0068 | 0.0037 | 1.8417 | 0.5430 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0000 | 0.0064 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0034 | 0.0111 | 0.3093 | 3.2335 |
| 20 | Niere | 0.0045 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Pankreas | 0.0083 | 0.0110 | 0.7479 | 1.3371 |
| | Prostata | 0.0057 | 0.0117 | 0.4823 | 2.0732 |
| | T_Lymphom | 0.0025 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Uterus | 0.0044 | 0.0092 | 0.4819 | 2.0750 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0034 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | | | |
| | Penis | 0.0188 | | | |
| | Samenblase | 0.0141 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | | | | | |
| | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| 35 | Gehirn | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0107 | | | |
| 40 | Lunge | 0.0036 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0000 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 45 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| 50 | Brust | 0.0000 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0152 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0006 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0032 | | | |
| 60 | Hoden_n | 0.0000 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0000 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0020 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0068 | | | |
| | Prostata_n | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0077 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 270

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|-------------------------------------|--------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0075 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Blase | 0.0156 | 0.0047 | 3.3190 | 0.3013 |
| | Brust | 0.0167 | 0.0197 | 0.8499 | 1.1767 |
| | Dickdarm | 0.0307 | 0.0199 | 1.5378 | 0.6503 |
| | Duennndarm | 0.0082 | 0.0213 | 0.3865 | 2.5875 |
| 10 | Eierstock | 0.0059 | 0.0334 | 0.1778 | 5.6255 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0321 | 0.0248 | 1.2934 | 0.7732 |
| | Gehirn | 0.0365 | 0.0170 | 2.1504 | 0.4650 |
| | Haut | 0.0257 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0127 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0426 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0161 | 0.0118 | 1.3571 | 0.7369 |
| | Lunge | 0.0272 | 0.0222 | 1.2278 | 0.8144 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0072 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Muskel-Skelett | 0.0137 | 0.0074 | 1.8555 | 0.5389 |
| 20 | Niere | 0.0246 | 0.0145 | 1.7022 | 0.5875 |
| | Pankreas | 0.0050 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Prostata | 0.0179 | 0.0065 | 2.7494 | 0.3637 |
| | T_Lymphom | 0.0177 | 0.0672 | 0.2630 | 3.8026 |
| | Uterus | 0.0118 | 0.0046 | 2.5703 | 0.3891 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0219 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0147 | | | |
| | Penis | 0.0188 | | | |
| | Samenblase | 0.0281 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | | | | | |
| | FOETUS | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0167 | | | |
| 35 | Gehirn | 0.0188 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0079 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0356 | | | |
| 40 | Lunge | 0.0108 | | | |
| | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| | Placenta | 0.0182 | | | |
| | Prostata | 0.0249 | | | |
| 45 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | | |
| | %Haeufigkeit | | | | |
| 50 | Brust | 0.0068 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.1595 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0110 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0122 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0227 | | | |
| 60 | Hoden_n | 0.0125 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0195 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0281 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0068 | | | |
| | Prostata_n | 0.0061 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0232 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 271

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0125 | 0.0407 | 0.3066 | 3.2617 |
| | Blase | 0.0117 | 0.0164 | 0.7112 | 1.4061 |
| | Brust | 0.0123 | 0.0098 | 1.2524 | 0.7985 |
| | Dickdarm | 0.0057 | 0.0057 | 1.0092 | 0.9909 |
| | Duennndarm | 0.0165 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Eierstock | 0.0030 | 0.0143 | 0.2074 | 4.8219 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0096 | 0.0195 | 0.4938 | 2.0250 |
| | Gehirn | 0.0122 | 0.0070 | 1.7408 | 0.5745 |
| | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0093 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0071 | 0.0137 | 0.5169 | 1.9347 |
| | Hoden | 0.0201 | 0.0059 | 3.3928 | 0.2947 |
| | Lunge | 0.0117 | 0.0148 | 0.7893 | 1.2669 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0072 | 0.0320 | 0.2267 | 4.4110 |
| | Muskel-Skelett | 0.0086 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0045 | 0.0096 | 0.4642 | 2.1540 |
| | Pankreas | 0.0017 | 0.0055 | 0.2992 | 3.3427 |
| | Prostata | 0.0066 | 0.0117 | 0.5627 | 1.7770 |
| | T_Lymphom | 0.0126 | 0.0149 | 0.8453 | 1.1830 |
| | Uterus | 0.0059 | 0.0322 | 0.1836 | 5.4469 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0062 | 0.0304 | 0.2029 | 4.9287 |
| | Haematopoetisch | 0.0107 | | | |
| | Penis | 0.0000 | | | |
| | Samenblase | 0.0141 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0235 | | | |
| 30 | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0111 | | | |
| 35 | Gehirn | 0.0250 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0118 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0071 | | | |
| 40 | Lunge | 0.0036 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 45 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0000 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0152 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0220 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0421 | | | |
| 60 | Hoden_n | 0.0000 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0000 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0211 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0248 | | | |
| | Prostata_n | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0232 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 272

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0025 | 0.0136 | 0.1840 | 5.4361 |
| | Blase | 0.0039 | 0.0117 | 0.3319 | 3.0130 |
| | Brust | 0.0246 | 0.0070 | 3.5068 | 0.2852 |
| | Dickdarm | 0.0287 | 0.0399 | 0.7208 | 1.3873 |
| | Duenn darm | 0.0082 | 0.0426 | 0.1932 | 5.1750 |
| 10 | Eierstock | 0.0148 | 0.0381 | 0.3889 | 2.5717 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0161 | 0.0266 | 0.6036 | 1.6568 |
| | Gehirn | 0.0220 | 0.0130 | 1.6961 | 0.5896 |
| | Haut | 0.0110 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0000 | 0.0381 | 0.0000 | undef |
| 15 | Herz | 0.0132 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0040 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Lunge | 0.0214 | 0.0129 | 1.6538 | 0.6047 |
| | Magen-Speiserohre | 0.0000 | 0.0064 | 0.0000 | undef |
| | Muskel-Skelett | 0.0069 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 20 | Niere | 0.0134 | 0.0193 | 0.6964 | 1.4360 |
| | Pankreas | 0.0264 | 0.0276 | 0.9573 | 1.0446 |
| | Prostata | 0.0075 | 0.0104 | 0.7235 | 1.3821 |
| | T_Lymphom | 0.0227 | 0.0373 | 0.6086 | 1.6431 |
| | Uterus | 0.0059 | 0.0138 | 0.4284 | 2.3344 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0082 | 0.0607 | 0.1353 | 7.3931 |
| | Haematopoetisch | 0.0053 | | | |
| | Penis | 0.0161 | | | |
| | Samenblase | 0.0141 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| 30 | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0278 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0056 | | | |
| 35 | Gehirn | 0.0375 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0039 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0142 | | | |
| 40 | Lunge | 0.0036 | | | |
| | Nebenniere | 0.0254 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0499 | | | |
| 45 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0136 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0000 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0000 | | | |
| | Foetal | 0.0052 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0244 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0000 | | | |
| 60 | Hoden_n | 0.0000 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0195 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0121 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0000 | | | |
| | Prostata_n | 0.0061 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 273

| | | NORMAL | TUMOR | Verhaeltnisse | |
|----|------------------------|-------------------------------------|--------------|---------------|--------|
| | | %Haeufigkeit | %Haeufigkeit | N/T | T/N |
| 5 | B_Lymphom | 0.0025 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Blase | 0.0078 | 0.0188 | 0.4149 | 2.4104 |
| | Brust | 0.0079 | 0.0112 | 0.7045 | 1.4195 |
| | Dickdarm | 0.0019 | 0.0057 | 0.3364 | 2.9727 |
| | Duenndarm | 0.0055 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 10 | Eierstock | 0.0030 | 0.0215 | 0.1383 | 7.2328 |
| | Endokrines_Gewebe | 0.0080 | 0.0053 | 1.5089 | 0.6627 |
| | Gehirn | 0.0041 | 0.0070 | 0.5803 | 1.7234 |
| | Haut | 0.0147 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hepatisch | 0.0046 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| 15 | Herz | 0.0203 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Hoden | 0.0000 | 0.0355 | 0.0000 | undef |
| | Lunge | 0.0039 | 0.0111 | 0.3508 | 2.8506 |
| | Magen-Speiseroehre | 0.0145 | 0.0128 | 1.1335 | 0.8822 |
| | Muskel-Skelett | 0.0120 | 0.0074 | 1.6236 | 0.6159 |
| 20 | Niere | 0.0000 | 0.0048 | 0.0000 | undef |
| | Pankreas | 0.0000 | 0.0276 | 0.0000 | undef |
| | Prostata | 0.0085 | 0.0065 | 1.3023 | 0.7679 |
| | T_Lymphom | 0.0303 | 0.0149 | 2.0287 | 0.4929 |
| | Uterus | 0.0133 | 0.0092 | 1.4458 | 0.6917 |
| 25 | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0205 | 0.0000 | undef | 0.0000 |
| | Haematopoetisch | 0.0027 | | | |
| | Penis | 0.0054 | | | |
| | Samenblase | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0118 | | | |
| 30 | | | | | |
| | | FOETUS | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| | Entwicklung | 0.0000 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0028 | | | |
| 35 | Gehirn | 0.0063 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0118 | | | |
| | Haut | 0.0000 | | | |
| | Hepatisch | 0.0000 | | | |
| | Herz-Blutgefuesse | 0.0213 | | | |
| 40 | Lunge | 0.0145 | | | |
| | Nebenniere | 0.0000 | | | |
| | Niere | 0.0124 | | | |
| | Placenta | 0.0061 | | | |
| | Prostata | 0.0000 | | | |
| 45 | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | | | | | |
| | | NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN | | | |
| | | %Haeufigkeit | | | |
| 50 | Brust | 0.0068 | | | |
| | Brust_t | 0.0000 | | | |
| | Dickdarm_t | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_n | 0.0000 | | | |
| | Eierstock_t | 0.0152 | | | |
| 55 | Endokrines_Gewebe | 0.0245 | | | |
| | Foetal | 0.0023 | | | |
| | Gastrointestinal | 0.0000 | | | |
| | Haematopoetisch | 0.0000 | | | |
| | Haut-Muskel | 0.0065 | | | |
| 60 | Hoden_n | 0.0000 | | | |
| | Hoden_t | 0.0000 | | | |
| | Lunge_n | 0.0098 | | | |
| | Lunge_t | 0.0000 | | | |
| | Nerven | 0.0060 | | | |
| 65 | Niere_t | 0.0000 | | | |
| | Ovar_Uterus | 0.0090 | | | |
| | Prostata_n | 0.0000 | | | |
| | Sinnesorgane | 0.0000 | | | |
| | Weisse_Blutkoerperchen | 0.0000 | | | |

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovarumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits
5 oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

10

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville,
15 Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer
20 Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogetische Bande wurde unter Verwendung des "MapView" -Programms der Genome Database (GDB),
25 (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt. Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap
30 between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der
35 Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

Beispiel 5**Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

- 5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone
 (http://www.tree.caltech.edu/; Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak,
 Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit
 der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek
 bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom)
 10 in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer
 spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA
 verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die
 Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der
 Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse
 15 zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit
 die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.
 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen
 BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.
 Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

| Seq. ID Nr. | Identifizierte BACs | | | | |
|-------------|---------------------|----------|----------|----------|----------|
| 4 | 195/N/3 | 206/P/3 | 384/I/3 | 323/G/9 | |
| 5 | 222/B/10 | 404/E/10 | 526/F/20 | 565/P/11 | 279/F/14 |
| 9 | 501/L/21 | | | | |
| 11 | 490/P/4 | 321/I/23 | 410/F/5 | 443/N/20 | |
| 19 | 311/A/19 | 505/F/17 | 216/D/8 | 219/C/22 | |
| 29 | 382/N/10 | 539/L/7 | | | |
| 31 | 530/D/11 | | | | |
| 35 | 503/N/10 | | | | |
| 37 | 547/D/16 | 215/P/16 | 439/K/6 | | |
| 39 | 216/L/9 | 512/F/5 | 203/J/15 | | |
| 45 | 205/K/7 | 250/H/22 | 283/C/17 | 528/B/20 | 402/L/11 |
| 80 | 371/A/20 | 470/L/3 | 495/L/3 | | |
| 92 | 254/M/9 | 376/O/12 | 421/L/18 | 429/J/19 | |
| 112 | 243/O/14 | 520/K/15 | 565/J/17 | 565/J/24 | |

TABELLE I

| Seq ID No. | Expression | Funktion | Module | Cytogenetische Lokalisation | nearest marker |
|------------|-----------------------------------|-----------|----------------|-----------------------------|---|
| 1 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | | 1p31.1-p34.1 | SHGC-2542,2540,2456; D1S448-D1S500;; WI-6555; D1S198-D1S462 |
| 2 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | | 2p22.3-p23.3 | SGC32173; D2S174-D2S390;; TIGR-A006H24;D2S392-D2S390 |
| 3 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | | 4p15.1 | WI-15951 (D4S1043-SHGC-16179) |
| 4 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | P52rIPK | | 11q13.5 - q14.1 | SHGC-31396 (SHGC-32287, D11S4681) |
| 5 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | | 1q22 | SHGC-31641 |
| 6 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | | 13q33.1 - q34 | AFM310yd5 |
| 7 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | | 8q11.23-q12.1 | SHGC-32002; D8S1828-D8S507 |
| 8 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | | 4q24 | SHGC-36699 |
| 9 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | PRO_RICH | 2q35 | SHGH-32531 (D2S1297, SHGC-35278) |
| 10 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | PHD | | |
| 12 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | | 5q23.3-q31.1 | AFM200ya9=D5S414 |
| 13 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | | 3p23 | WI-6841;D3S1599-D3S1583 |
| 15 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | | 6q22.1-q24.3 | SHGC-33316; D6S453-D6S311 |
| 16 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | NLS_BP | 10p15.3 | CDa1hh03; D10S533-D10S594;; SHGC-11812; D10S558-D10S591 |
| 18 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | Ribosomal_L24e | 15q21.3-q22.1 | Cda17g12; D15S209-D15S198 |
| 19 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | | 11q14.3 | SHGC-36010 (D11S1979, D11S1887) |

| Seq ID No. | Expression | Funktion | Module | Cytogenetische Lokalisation | nearest marker |
|------------|-----------------------------------|--|----------|-----------------------------|--|
| 20 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | | 3q22.2-3q22.3 | SHGC-34629 (SHGC-30855, SGC32794) |
| 21 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | | 3q26.33-q29 | AFM308yf1 (D3S2363, D3S3669) |
| 22 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | | 7q11.23 | SHGC-37054 |
| 23 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | | | |
| 24 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | | 4q28.1-q31.1 | WI-30941;SGC30941; D4S1580-D4S427 |
| 25 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Branchio-oto-renal syndrome candidate gene | | 7q32.3-q33 | AFMc024we9 |
| 26 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | NLS_BP | 17q23.3 | SHGC-64257 |
| 27 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | | 17p12-p13.2 | SHGC-31370 (SHGC-35547-SHGC-35513) |
| 28 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | | 10q22.3 | Cda0wf11, TIGR-A001X23;D10S607-D10S201 |
| 29 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | | 11q13.2-q13.5 | WI-14303; D11S4136-D11S1314;; TIGR-A005U01; D11S913-D11S1314/RH:SHGC-14407 |
| 30 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | | 7p21.3 | SHGC-14339 |
| 31 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | unbekannt | | 12p12.3 | AFMb320va9 |
| 32 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Partielles Homolog zu R. norvegicus calpain | | 1q41 | SHGC-3992 (D1S2550-D1S2568) |
| 33 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Partiell Homolog zu Human mRNA for fungal sterol-C5-desaturase homolog | Thymosin | 11q23.3 | WI-19895; D11S924-D11S925 |
| 34 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Partiell homolog zu Human GPx-3 mRNA for plasma glutathione peroxidase | GSHPx | 5q33.1 | SHGC-10972 |
| 35 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Partiell Homolog zu Homo sapiens CHD2 mRNA | | 19q13.13 - q13.2 | AFMb018wh1 |

| Seq ID No. | Expression | Funktion | Module | Cytogenetische Lokalisation | nearest marker |
|------------|-----------------------------------|---|---------------|-------------------------------|--------------------------------------|
| 36 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Humanes Homolog zu M. musculus formin binding protein 21 | WW_rsp5_WWP | | |
| 38 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Humanes Homolog zu Tribolium castaneum zinc finger protein | | 2p13.1-p16.1;RH: 2p13.1-p13.3 | stSG31094; D2S292-D2S145 |
| 39 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Humanes Homolog zu S. cerevisiae chromosome II sequence for ORF YBR1725 | | 19q12 | AFM205yf10 (D19S1080, D19S590) |
| 40 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Humanes Homolog zu Rattus norvegicus rsly1p | Sec1 | 17 | |
| 41 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Humanes Homolog zu PEC-60=gastrointestinal peptide, swine | kazal | | |
| 42 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Humanes Homolog zu Mus musculus mCAF1 protein | | 8p22-p23.3 | BDA16f11; D8S549-D8S1733 bzw. S280 |
| 43 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Humanes Homolog zu Mouse mitochondrial genome: Unidentified reading frame | oxidored_q1_N | | |
| 44 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Humanes Homolog zu Mouse kidney androgen-regulated protein (KAP) | | 1p36.31-p36.13 | SHGC-11461 (D1S2565, SGC32561) |
| 45 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Humanes Homolog zu M. musculus Tera | | 12p11.21-p11.23 | SHGC-1349 (D12S1621/D12S1805) |
| 46 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7 | | 19q13.33-qter | SHGC-30173; D19S418-qTEL |
| 47 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7 | PRO_RICH | 2p11.1-p11.2 | D2S388-D2S2181 |
| 48 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid K11H12 | UPF0005 | 10q23.1 | SHGC-167+SHGC-11466; D10S551-D10S532 |
| 49 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid C43E11 | PRO_RICH | Xq22.3-Xq25 | stSG2963; DXS1059-DXS1047 |

| Seq ID No. | Expression | Funktion | Module | Cytogenetische Lokalisation | nearest marker |
|------------|---------------------------------|---|----------------------|-----------------------------|--|
| 50 | in Ovariumgewebe überexprimiert | Humanes Homolog zu <i>Caenorhabditis elegans</i> cosmid C40H1 | | 1q22 | WI-7155 |
| 51 | in Ovariumgewebe überexprimiert | Humanes Homolog zu <i>C. elegans</i> cosmid K02D10 | | 7p11.2-p12.3 | Cda1bc08;D7S506-D7S499;; SHGC-17265+11581;D7S499-D7S2429 |
| 52 | in Ovariumgewebe überexprimiert | Humanes Homolog zu Bovine inorganische pyrophosphatase | Pyrophosphatase | 3q26.1 | SHGC-9372 |
| 53 | in Ovariumgewebe überexprimiert | Humanes Homolog zu <i>B. taurus</i> mRNA for B15 subunit of NADH: ubiquinone oxidoreductase complex | | 3q13.12-q13.2 | D3S1310-D3S1575 |
| 54 | in Ovariumgewebe überexprimiert | Humanes Homolog zu <i>Aplysia californica</i> vesicle-associated membrane protein/synaptobrevin binding protein aber anders | | 20q13.33 | SHGC-11512 |
| 55 | in Ovariumgewebe überexprimiert | Humanes Homolog zu <i>Aplysia californica</i> vesicle-associated membrane protein/synaptobrevin binding protein | PRO_RICH; MSP_DOMAIN | 15q25.3-15q26.1 | SHGC-69080 (D15S202/D15S1046, D15S1178) |
| 56 | in Ovariumgewebe überexprimiert | Humanes Homolog des <i>R. norvegicus</i> intestinal epithelium proliferating cell-associated mRNA sequence | PRO_RICH | 1p32.2-p31.2 | SGC34409 |
| 57 | in Ovariumgewebe überexprimiert | Homolog zu Bruton's tyrosine kinase | rrm; PRO_RICH | 10q21.1-q22.1 | WI-11265; D10S581-D10S210 |
| 58 | in Ovariumgewebe überexprimiert | dbpB-like protein | CSD; PRO_RICH | 15q25.3-15q26.1 | AFM282wg5=D15S202 (D15S1046;D15S1187) |
| 59 | in Ovariumgewebe überexprimiert | Tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein | PRO_RICH | 2p25.2-p25.1 | |
| 63 | in Ovariumgewebe überexprimiert | Protease, serine, 2 (trypsin 2) | trypsin | 7q35 | SHGC-16894 |
| 65 | in Ovariumgewebe überexprimiert | Humanes Annexin IV | annexin | 2p13.1-p16.1 | SHGC-9858 |
| 67 | in Ovariumgewebe überexprimiert | Human X2 box repressor | | 16q12.1-q22.1 | WI-6174; D16S408-D16S3089;;Cda01g10; D16S419-D16S415 |

| Seq ID No. | Expression | Funktion | Module | Cytogenetische Lokalisation | nearest marker |
|------------|-----------------------------------|---|----------------|-----------------------------|--|
| 68 | in Ovartumorgewebe überexprimiert | Human transcriptional coactivator PC4 | | 5p15.1 | SGC32812; D5S477-D5S651 |
| 69 | in Ovartumorgewebe überexprimiert | Human tetralricopeptide repeat protein | | 5q33.2-q33.3 | TIGR-A002Q13; D5S412-D5S422 |
| 70 | in Ovartumorgewebe überexprimiert | Human tax1-binding protein TXBP151 | | 7p14.1-p21.3 | SGC31789; D7S516-D7S632 |
| 72 | in Ovartumorgewebe überexprimiert | Human prothymosin alpha | | | |
| 73 | in Ovartumorgewebe überexprimiert | Human profilin | profilin | 17p13.3 | |
| 74 | in Ovartumorgewebe überexprimiert | Human pepsinogen C | asp | 6p21.1 | SGC35331; D6S426-D6S271 |
| 76 | in Ovartumorgewebe überexprimiert | Human osteopontin | Osteopontin | 4q13.3-q22.1 | SHGC-9669; D4S1542-D4S1544 |
| 78 | in Ovartumorgewebe überexprimiert | Human non-histone chromosomal protein | HMG14_17 | 21q22.3 | |
| 79 | in Ovartumorgewebe überexprimiert | Human mRNA for protein disulfide isomerase-related protein P5 | thioredo | 2p23.3-p24.1 | SGC31703; D2S287-D2S131;; siSG1958; D2S162-D2S287 |
| 80 | in Ovartumorgewebe überexprimiert | Human mRNA for KIAA0332 | | 3p21.1 | SHGC-14798 (D3S4210, SHGC-11985) |
| 81 | in Ovartumorgewebe überexprimiert | Human mRNA for KIAA0078 | PRO_RICH | | SHGC-9647; D7S651-D7S477;; Wi-14191; D8S269-D8S1789 +2 weitere auf Chr.8 |
| 82 | in Ovartumorgewebe überexprimiert | Human mRNA for 90-kDa heat-shock protein | HSP90 | 4, 11, 1, 6 | SHGC-11305 |
| 83 | in Ovartumorgewebe überexprimiert | Human major nuclear matrix protein | RBD; ZF_MATRIN | 5q31.1 | SHGC-3183 |
| 84 | in Ovartumorgewebe überexprimiert | Human Ku (p70/p80) subunit | | 2q34-q35 | SHGC-11966; D2S2382-D2S164;; Wi-8140; D2S143-D2S164 |
| 85 | in Ovartumorgewebe überexprimiert | Human interferon-induced 17-kDa/15-kDa protein | ubiquitin | 1p36.31-p36.32 | |
| 86 | in Ovartumorgewebe überexprimiert | Human hsc70 gene for 71 kd heat shock cognate protein | HSP70 | 11q23.3-q25 | D20S113-D20S97 |
| 88 | in Ovartumorgewebe überexprimiert | Human gamma-interferon-inducible protein (IP-30) | | 19p13.13 | SHGC-32638; D19S899-D19S407 |

| Seq ID No. | Expression | Funktion | Module | Cytogenetische Lokalisation | nearest marker |
|------------|-----------------------------------|---|--|-----------------------------|------------------------------------|
| 89 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Human fatty acid binding protein homologue (PA-FABP) | | 17p11.2 | SHGC-9883 |
| 90 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Human enhancer of rudimentary homolog | ER | 14q22.3-q24.2 | WI-8921; D14S63-D14S251 |
| 91 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Human deleted in split hand/split foot 1 (DSS1) | | 7q21.3-q22.1 | D5S1977-D5S428 (Hs.85215) |
| 92 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Human decay-accelerating factor mRNA | | 1q32.2 | SHGC-11228 |
| 93 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Human chromosome segregation gene homolog CAS | IBN_NT | 20q13 | |
| 94 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Human carcinoma-associated antigen GA733-2, Human epithelial glycoprotein (EGP) | thyroglobulin_1 | 2p15-p21 | AA113218; D2S119-D2S337 |
| 95 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Human calmodulin | EF_HAND_2 | 2p16.3-p21 | WI-9106; D2S391-D2S123 |
| 96 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Human Bax alpha | Bcl-2 | 19q13.3-q13.4 | |
| 97 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Human antileukoprotease (ALP) | wap | 20q13.13-q13.2 | WI-8969 (D20S880, SGC34003) |
| 98 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Homo sapiens UDP-galactose-4-epimerase | 3Beta_HSD | 1p36.11 | SHGC-11459 (RH420-D1S3295) |
| 99 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Homo sapiens mRNA for putative progesterone binding protein | | 4q31.1 | SHGC4-275 |
| 100 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Homo sapiens mRNA for galectin-3 | Gal-bind_lectin | 14q12-q22.3 | D14S276-D14S66 |
| 101 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Homo sapiens monocyte/macrophage Ig-related receptor MIR-7 (MIR cl-7) | 7tm_1; G_PROTEIN_RECEPTOR_2; PRO_RICH | 12q14.2-q14.3 | SHGC-33073 |
| 102 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Homo sapiens Kunitz-type protease inhibitor | Kunitz_BPTI; | 19q13.2 | TIGR-A007F08; D19S421-D19S408 |
| 103 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor | PRO_RICH | 7q11.23 | |
| 105 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Homo sapiens DNA for amyloid precursor protein | Kunitz_BPT | 21q21.2-q22.11 | WI-8962; D21S265-D21S260 |
| 106 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Homo sapiens CD24 signal transducer | | 6p21 | AFM115xh2; SHGC-13799 - SHGC-32498 |

| Seq ID No. | Expression | Funktion | Module | Cytogenetische Lokalisation | nearest marker |
|------------|-----------------------------------|--|---|-----------------------------|---|
| 107 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Homo sapiens Arp2/3 protein complex subunit p16-Arc (ARC16) | | 1q31.1 | SHGC-58249(D1S2602/WI-2775; WI-7265) |
| 108 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Histone H2B | histone; Archaeal_histone | 6p21.2-p21.31 | WI-11733; D6S276-D6S439 |
| 110 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | H. sapiens, gene for Membrane cofactor protein | sushi | 1q32.1-q32.2 | SHGC-12033; D1S456-D1S2891 |
| 111 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | H. sapiens TROP-2 gene | thyroglobulin_1 | 1p32.2-p32.3 | SHGC-12661; D1S476-D1S220 |
| 112 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | H. sapiens mRNA for Icln protein | | 11q14.1 | SHGC-31540; D11S4179-D11S937;; SGC31540; D11D911-D11S1352 |
| 113 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | H. sapiens mRNA for BIP protein | HSP70; PRO_RICH | 9q33.3-q34.11 | WI-6005; D9S282-D9S260 |
| 114 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | H. sapiens HE4 mRNA for extracellular proteinase inhibitor homologue | wap | 20q13.2-q13.13 | SGC30446; D20S119-D20S197;; WI-30446 |
| 115 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | H. sapiens for neutrophil gelatinase associated lipocalin | lipocalin | 9q34 | |
| 116 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | H. sapiens mRNA for Sm protein G | | 18q21.1 | SHGC-8871 (D18S484; D18S851) |
| 117 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | H. sapiens for glutathione peroxidase-GI | NLS_BP; GSHPx | 14q24.1 | |
| 120 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | CDC28 protein kinase 2 | CKS | 9q21.31-q22.1 | SHGC-11955; D9S1812-D9S283;; SGC31294; D9S153-D9S264 |
| 121 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | B-factor, properdin | VWA_DOMAIN; TRYPSIN_CATAL; sushi; trypsin | | DXS255-DXS426 |
| 122 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Annexin II | annexin | 15q22.1-q22.31 | WI-8600+WI-9161; D15S198-D15S159 |
| 123 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | ADP-ribosylation factor like 1 | arf | 12q22-q23.1 | SHGC-12629; D12S1727-D12S78;; WI-7420; D12S346-D12S78 |
| 258 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Verlängerung zu Seq ID No: 2 | | | |
| 259 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Verlängerung zu Seq ID No: 3 | | | |

| Seq ID No. | Expression | Funktion | Module | Cytogenetische Lokalisation | nearest marker |
|------------|-----------------------------------|-------------------------------|--------|-----------------------------|----------------|
| 260 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Verlängerung zu Seq ID No: 4 | | | |
| 261 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Verlängerung zu Seq ID No: 10 | | | |
| 262 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Verlängerung zu Seq ID No: 18 | | | |
| 263 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Verlängerung zu Seq ID No: 25 | | | |
| 264 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Verlängerung zu Seq ID No: 26 | | | |
| 265 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Verlängerung zu Seq ID No: 30 | | | |
| 266 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Verlängerung zu Seq ID No: 34 | | | |
| 267 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Verlängerung zu Seq ID No: 42 | | | |
| 268 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Verlängerung zu Seq ID No: 46 | | | |
| 269 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Verlängerung zu Seq ID No: 47 | | | |
| 270 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Verlängerung zu Seq ID No: 48 | | | |
| 271 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Verlängerung zu Seq ID No: 50 | | | |
| 272 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Verlängerung zu Seq ID No: 52 | | | |
| 273 | in Ovariumorgewebe überexprimiert | Verlängerung zu Seq ID No: 56 | | | |

TABELLE II

| Seq ID No. | ORF Seq ID No. | | | | | |
|------------|----------------|-----|-----|-----|-----|-----|
| 1 | 124 | 125 | 126 | 127 | 128 | 129 |
| 2 | 130 | 131 | | | | |
| 3 | 132 | | | | | |
| 4 | 133 | 134 | | | | |
| 5 | 135 | | | | | |
| 6 | 136 | 137 | | | | |
| 7 | 138 | 139 | | | | |
| 8 | 140 | 141 | | | | |
| 9 | 142 | 143 | | | | |
| 10 | 144 | 145 | | | | |
| 12 | 148 | 149 | | | | |
| 13 | 150 | 151 | 152 | 153 | | |
| 15 | 155 | 156 | 157 | | | |
| 16 | 158 | 159 | 160 | | | |
| 18 | 163 | 164 | | | | |
| 19 | 165 | | | | | |
| 20 | 166 | 167 | | | | |
| 21 | 168 | 169 | | | | |
| 22 | 170 | 171 | 172 | | | |
| 23 | 173 | 174 | | | | |
| 24 | 175 | 176 | | | | |
| 25 | 177 | 178 | | | | |
| 26 | 179 | | | | | |
| 27 | 180 | 181 | | | | |
| 28 | 182 | 183 | 184 | | | |
| 29 | 185 | 186 | | | | |
| 30 | 187 | 188 | | | | |
| 31 | 189 | 190 | 191 | | | |
| 32 | 192 | 193 | 194 | 195 | 196 | |
| 33 | 197 | 198 | 199 | | | |
| 34 | 200 | 201 | | | | |
| 35 | 202 | 203 | 204 | | | |
| 36 | 205 | 206 | 207 | 208 | | |
| 38 | 210 | 211 | | | | |
| 39 | 212 | 213 | 214 | 215 | | |
| 40 | 216 | | | | | |
| 41 | 217 | 218 | | | | |
| 42 | 219 | 220 | 221 | | | |
| 43 | 222 | 223 | 224 | 225 | | |
| 44 | 226 | 227 | | | | |
| 45 | 228 | 229 | 230 | 231 | 232 | |
| 46 | 233 | 234 | 235 | | | |
| 47 | 236 | 237 | 238 | | | |
| 48 | 239 | 240 | | | | |
| 49 | 241 | 242 | | | | |
| 50 | 243 | 244 | 245 | | | |
| 51 | 306 | 307 | | | | |
| 52 | 246 | | | | | |
| 53 | 247 | 248 | 249 | | | |
| 54 | 250 | 251 | | | | |

| Seq ID No. | ORF Seq ID No. | | |
|------------|----------------|-----|-----|
| 55 | 252 | 253 | 254 |
| 56 | 255 | 256 | |
| 57 | 257 | | |
| 258 | 274 | 275 | |
| 259 | 276 | 277 | |
| 260 | 278 | 279 | |
| 261 | 280 | 281 | |
| 262 | 282 | 283 | |
| 263 | 284 | 285 | |
| 264 | 286 | 287 | |
| 265 | 288 | 289 | |
| 266 | 290 | 291 | |
| 267 | 292 | 293 | |
| 268 | 294 | 295 | |
| 269 | 296 | 297 | |
| 270 | 298 | 299 | |
| 271 | 300 | 301 | |
| 272 | 302 | 303 | |
| 273 | 304 | 305 | |

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-
5 307 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll**(1) ALLGEMEINE INFORMATION:**

5 (i) ANMELDER:

(A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH

(B) STRASSE: Ihnestrasse 63

(C) STADT: Berlin

(E) LAND: Deutschland

10 (F) POST CODE (ZIP): D-14195

(G) TELEFON: (030)-8413 1673

(H) TELEFAX: (030)-8413 1674

15

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus
Ovartumorgewebe

20 (iii) Anzahl der Sequenzen: 284

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

(A) MEDIUM TYPE: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

25 (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2434 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

cgggatttta cccgggttta aaagcgaacc ttctcccggc tacacccgaa ggtacccaaa 60
tatgggtagg tccgggtttc caacttgga aacgtatggg gaagcccggg gatggcttcc 120
ataaattttc cagcggatta tggcattcct tccaggaaat acctcttggg aaaggcctgc 180
ttgcaaatat gcatttccaa acttgaata taggtgtgaa cagtgtgtac cagtttaaaag 240
5 ctttcacttc atttgtgttt ttttaattaag gatttagaag ttcccccaat taaaaactgg 300
ttttaaatat tggacatact ggttttaata cctgctttgc atattcacac atggtcaact 360
gggacatggt aaactttgat ttgtcaaat ttatgctgtg tggaaacta actatatga 420
ttttaactta gttttaatat ttctattttt ggggaaaaat cttttttcac ttctcatgat 480
agctgttata tatatatgct aaatctttat atacagaaat atcagtactt gaacaaattc 540
10 aaagcacatt tgggtttatta acccttgctc ctgcatggc tcattagggt caaattataa 600
ctgatttaca ttttcagcta tatttacttt ttaaatgctt gagtttccca ttttaaaatc 660
taaaactagc atcttaattg gtgaaagtgt tttaaactac ttattgttgg taggcacatc 720
gtgtcaagtg aagtagtttt ataggtatgg gttttttctc ccccttcacc aggggtgggtg 780
gaataagttg atttggccaa tgtgtaatat ttaactgtt ctgtaaaata agtgtctggc 840
15 catttggtat gatttctgtg tgtgaaaggt cccaaaatca aaatggtaca tccataatca 900
gccaccattt aacccttctc tgttctaaaa caaaaaccaa agggcgctgg ttggtagggt 960
gagggtgggg agtattttta tttttggaat ttgggaagca gacagcttta ctttgaagg1020
ttggaacagc agcactatac atgaaatata aaccaaaaac ctttactgtt tctaaatttc1080
ctagattgct attatttgggt tgaagtgtga gtattccaca gaaagtggta attatctctt1140
20 ctctcttctc ccattagaaa attaggtaaa taatggattc ctataatggg agcatcacca1200
cttattaaaa cacacataga atgatgaatt aaaaaagttt tctaggattg tcttttattc1260
tgccacattt attgataaac agtgaaggaa tttttaaaaa atttttaaga attgtttgtc1320
acgtcatttt tagaaatgtt ctacctgtat atggtaatgt ccagttttta aaatattgg1380
catcttcaat ctttaaacatt tctattttag tgattggttc tcacatatac ttctaaaaga1440
25 aacttttatg ttataagagt tactttttgg ataagattta ttaatctcag ttacctacta1500
ttctgacatt ttaggaagga ggtaattgtt tttaatgatg gataaaactg tgctgggtgt1560
ttggatctta tgatgctgag catgttctgc actggtgcta atgtctaata taattttata1620
tttacacaca tacgtgctac ccagagatta atttagtcca tatgaactat tgacccattg1680
ttcattgaga cagcaacata cgcactccta aatcagtgtg tttagacttt tcaagtatct1740
30 aactcatttc caaacatgta ccattgttta taaacctctt gatttccagc aacatactat1800
agaaaacacc tgctactcaa aacacaactt ctcaagtgtc tccattgctg tcgtgagaga1860
caacatagca atatctggta tgttgcaagc tttcaagata gcctgaactt aaaaagttgg1920
tgcattaggt gtatctgatg gatataaatt tgccctcctag ttcactttgt gtcaagagct1980
aaaactgtga acctaaactt ctcttattgg tgggtaataa ctgaaaataa agattttatt2040
35 tcatgctcac ttcttaaaag tcataaaaac aatcaaatag gatcatgttt attgtcatgt2100
gtttcctggg ttctgacctg tgtgcacacc cctgtgtgtt tataattttt aaattgaatt2160
ttatatgggg tttttatttg ctaaaaacca ggctgttgaa tcacatttgg gaagggtact2220
tatcttaatg actaatgact taattgggaa agttgaattc ttgtaaaata caaaatccaa2280
ggacttcttg ggatttaatc taattgtcac ttcgttaggc agatgcactt ttttgataa2340
40 tggaaagtta agcataccga atgctacttt tggttgacaa acgggcctaa tagtccgggg2400
ggaaatccct aacgggtaag ggtcccaagt atgg 2434

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 798 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

```

gcctatattg gaagcagaca gcgatactga tgacattgac cacagagtta cagaggaaaag 60
ccatgaagag ccagcattcc agaattttat gcaagaatcg atggcacaat actggaagag120
10 aaacaataaa taggagactt tagcacactt cacttgtttc tagaagtcca gaattttgga180
cctccacgtg aaagaactgt tcttacctct gaactggggg ctcccataag ggataatttt240
cctcagagta gcaaagtttc tcttattaga gaaatcttgt gactcagatg aagtcaggga300
tagaagacc ttggacctgg cagggttaatg ctgattattc cttggccttt cccttgatt360
tatgcaagga aggatatact gagctgatac tcttccaagc ctacaacttc aagttttatc420
15 atttgaactc aagtactttt gctgctgagg aatggaatca aaagaacgta gtctcctggt480
gaccacctca gatctctatt attaggctag atgtatagcc tctactcccc cagcttcttg540
ctcttgacc ttgactgtaa gttgcccttc tattagcagc caaggaaaag ggaaacatga600
gcttatccag aacggtggca gagtctcctt ggcaatcaac caacgttgct atgaaatatg660
cctcacactg tatagctcat tataggacgt caggtttgtt gaaaaaagtg ggcaagacat720
20 gattaatgaa tcagaatcct gtttcattgg tgacttggat aaagactttt taatttttaa780
aaaaaaaaa aaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 882 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```

attccaaaca tggcggctcc actagggggt atgttttctg ggcagccacc cggccccct 60
caggccccgc cgggccttcc gggccaagct tcgcttcttc aggcagctcc aggcgctcct120
50 agaccttcca gcagtacttt ggtggacgag ttggagtcac ctttcgaggc ttgctttgca180
tctctggtga gtcaggacta tgtcaatggc accgatcagg aagaaattcg aaccggtgtt240
gatcagtgtg tccaagaagt tctggatatt gcaagacaga cagaatgttt tttcttaca300
aaaagattgc agttatctgt ccagaaacca gagcaagtta tcaaagagga tgtgtcagaa360
ctaaggaatg aattacagcg gaaagatgca ctagtccaga agcacttgac aaagctgagg420
cattggcagc aggtgctgga ggacatcaac gtgcagcaca aaaagccgc cgacatccct480

```

cagggctcct tggcctacct ggagcaggca tctgcccaaca tccctgcacc tctgaagcca540
 acgtgagcaa agggcagagg cagttggcct atgagtgggc tgatgcgtga ggttgccac600
 acattccttc ctgtggactt gacatttttg aagaactctt tgccagataa tgagttcatt660
 ttagttttat gctcccattg aaaaattttc cactattttt ataagctgtt aatttcttga720
 5 gtaactttata acatgtctgt agcttgata aaccaagtaa gtattttttt ttgtcttta780
 gcaaagttaa gactgtgaat atgatgacac agattctttt ttatgggtggc ttgtctgtt840
 ttaattttt gcatgacttt taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 882

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2901 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

actgagtga gatgaaatca ggacactgaa acagaaaaaa attgatgaaa cttctgagca 60
 ggaacaaaaa cataaagaaa ccaacaatag caatgctcag aaccccagcg aagaagagg 120
 35 tgaagggcaa gatgaggaca ttttacctct aacccttgaa gagaaggaaa acaaagaata 180
 cctaaaatct ctatttgaaa tcttgattct gatgggaaag caaaacatac ctctggatgg 240
 acatgaggct gatgaaatcc cagaaggctt ctttactcca gataactttc aggcactgct 300
 ggagtgtcgg ataaattctg gtgaagaggt tctgagaaa cggtttgaga caacagcagt 360
 taacacgttg tttgttcaa aaacacagca gaggcagatg cttagagatct gtgagagctg 420
 40 tattcgagaa gaaactctca gggaagtga agactcacac ttcttttcca ttatcactga 480
 cgatgtagt gacatagcag gggaagagca cctacctgtg ttggtgaggt ttgttgatga 540
 atctcataac ctaagagagg aatttatagg cttcctgcct tatgaagccg atgcagaaat 600
 tttggctgtg aaatttcaca ctatgataac tgagaagtgg ggattaaata tggagtattg 660
 tcgtggccag gcttacattg tctctagtgg attttcttcc aaaatgaaag ttgttgcttc 720
 45 tagactttta gagaaatata cccaagctat ctacacactc tgctcttcct gtgccttaaa 780
 tatgtggttg gcaaatcag tacctgttat gggagtatct gttgcattag gaacaattga 840
 ggaagtgtt tcttttttcc atcgatcacc acaactgctt ttagaacttg acaacgtaat 900
 tgctgttctt tttcagaaca gtaaaagaa gggtaaagaa ctgaaggaaa tctgccattc 960
 tcagtggaca ggcaggcatg atgcttttga aatttttagt gaactcctgc aagcacttgt 1020
 50 tttatgttta gatggtataa atagtgcac aaatattaga tggaataact atatagctgg 1080
 ccgagcattt gtactctgca gtgcagtgtc agattttgat ttcatgttta ctattgttgt 1140
 tcttaaaaaat gtcttatctt ttacaagagc ctttgggaaa aacctccagg ggcaaacctc 1200
 tgatgtcttc tttgcggccg gtagcttgac tgcagtactg cattcactca acgaagtga 1260
 tggaaaatat tgaagtatat catgaatttt ggtttgagga agccacaaat ttggcaacca 1320
 55 aacttgatat tcaaatgaaa ctccctggga aattccgcag agctcaccag ggtaacttgg 1380
 aatctcagct aacctctgag agttactata aagaaacctt aagtgtccca acagtggagc 1440
 acattattca ggaacttaaa gatataattc cagaacagca cctcaaagct cttaaatgct 1500

```

tattctctggt accctcagtc atgggacaac tcaaattcaa tacgtcggag gaacaccatg1560
ctgacatgta tagaagtgtac ttacccaatc ctgacacgct gtcagctgag cttcattgtt1620
ggagaatcaa atggaaacac agggggaaaag atataagagct tccgtccacc atctatgaag1680
ccctccacct gcctgacatc aagttttttc ctaatgtgtg tgcattgctg aaggtcctgt1740
5 gtattcttcc tgtgatgaag gttgagaatg agcggatga aaatggacga aagcgtctta1800
aagcatattt gaggaacact ttgacagacc aaaggtcaag taacttggct ttgcttaaca1860
taaattttga tataaaacac gacctggatt taatgggtgga cacatatatt aaactctata1920
caagtaagtc agagcttcct acagataatt ccgaaactgt ggaaaatacc taagagactt1980
ttaaaaaatag gctttcttat atttgatatt tggaagaaaa agccgtaagg tgtatgtaga2040
10 ccacttaatc actaaatata tttgcctata ggactccatt gaatacatta gccattgata2100
atctacctgt ttaaatggcc cctgtttgaa ctctcaagct ttgaagacct acctgttctt2160
ccagaagaga acgttgaaag tgccatgttt ccttttgctg gatctctgtt gatggcactc2220
tggaattgtt tcagttaagt catttttagac atagcattta ttatcactgt ggatctctac2280
ttgttgggtg ttatgaattc tttgaagaaa tatattttga agaggtgtgg gaggaaggaa2340
15 tacattttat aaaatgttgt agtgaagccc acaattgacc tttgactaat aggagtttta2400
agtatgttaa aaatctatac tggacagtta caagaaatta ccggagaaaa gcttgtgagc2460
tcaccaaaca aggatttcag tgtagatttt gtctttcttg aacttaaaga aacaaatgac2520
aaagtttgaa tggaaaagcc tgctgttgtt ccacatctcg ttgctgttta cattcctttg2580
tgagacctac atcttcctaa gcttttttagc aggtatatgt tgaacacttc tgtttcatgg2640
20 ttgagacaga atcagaggcc atggatactg acaactgatt tgtctgtttt ttttctctgt2700
ctttttccat gactcttata tactgcctca tcttgattta taagcaaaac ctggaaaacc2760
tacaaaataa gtgttgtgtt ttatctagaa aaatatggaa aatattgctg ttatttttgg2820
tgaagaaaat caattttgtg tagttttatt caatctaaat aaaatgtgaa ttttgtttta2880
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa a
2901
25

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 579 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:
- 50
- ```

aaagaaagag aaagaaagaa aagaagattg tagctagggg gagagtaggt gaaaagatga 60
acaacatgac cggaagatt tcctaattctc accacagcct ggctctacct taagtcttta120
ataaaagctt gactgaaggt accaaggtgt gctgaagtgg aagcaaagtt ctccaaagtc180
cagcatggta gacatcagtg gtggaacca aggacagacc ccaaggcaag gtgaacctca240
55 aaaatggaac ctcaagtcta tgcagtccag ctgccctccc caccagaaag tccttgttcc300
agcccaacat cagtgcctct gaggttgttt actagaaaca aaggaagaat ttccttgtaa360

```

aaatatagac agagtagtcc ctggctttct cctcttgacag gaaggatgga ttctcccatt420  
 ccataccatc tttccccac actggcccca gaaatactta attcaactat gtgaaaataa480  
 agattgtttt tggtttgagg gcatagggat ccatttatcc ttattcttta tgaggcacta540  
 aattagcttt gtatgttatt aaatgtgtct cgtcaatgc 579

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:6:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2809 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

15

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

25

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

30

gcagggcctc gtgccgtttg cataaatagg tttctcact cttctttttt tccttctttt 60  
 atcccctcact cctccccta aaccctgctt cagcacaatg gactaattct agcattctga 120  
 tcataaggcc ctccattttc ctaatgtgtt tcaaggaatc tttttaggaa aaatatccag 180  
 attattcatc cacttttttt agtatctact aacaactcct tttttctct agagagtat 240  
 35 gaaggaacag gttgtccttg tctggagtca agctaaacac atgatttggt ttatcagcag 300  
 ctggagcaga agttgaaaat gtctttctgt gagacagtaa ttgtctactg aagctttatg 360  
 gcttggttgc actgattact ccaggatcca aaaacttggg gaaagtcact gaaacactca 420  
 aggcaaatca ctttacagcc ctgagtgtct gtcaccatag ttgacataat gaatatgaat 480  
 cccattggtg tgtgatgtag gaaatcctgt agttgtattt tcttgaactg aaatatttga 540  
 40 ctcaaaataa ttaagactca ttgtcatttt tcatcttggc attattgtgg acaagtgac 600  
 atattaaatc tctttgcttt ctggtaagct tagcttttaa aatgcatttt cccttgcct 660  
 gtctttaact agatatacat gcttatattt atagtgggtt tcacagacta taaaattgaa 720  
 tgtatgaaat ttttatttat atcagtgtct ttaataatga agatattttt ggagtaatgg 780  
 tgctgtcttg tagcgagtta ttaatcatag taagattttt ttctcttcat ttgctttttt 840  
 45 tgtttcatat taacaatttt ttttttacac ggacacaacc ctctgacagt ctttccaaat 900  
 attaaaatca tttgaatatg tatgtctgta tctgaacact gctcaagcca tcaagcagtc 960  
 ttcatacagt ttgcattata aaatctcatt aaattctcca agaaaaata agttgaagaa1020  
 ttttatttcc tgaccatgca tcccctggat ttctgagttt cagttcagat ttagatgac1080  
 aatataagct gccttccgaa attgtcaaca tctgaatgtt aagtcattt tcccatggal140  
 50 agaagcccgt agttccatga agtatggatt accatttgta tttttcacta acagtaaatg1200  
 tatttttctt attaatgtt tgccttagga atgatgaatt acattttttg ttcccttctta1260  
 ccataaacat ctgcattcct cagctcagcc ttccttgat gttgtttctt tataaatggt1320  
 tgagctgctg atgcaggat tgcgaagcta acagtacaaa tcatttttaa gaggaagctg1380  
 gcgcgtatgg cagccgagga gcacactctg caggacactg gacaagacag taaatattca1440  
 55 acttttaatg ctgattaaag gagtataggt aaagaatacg taggtatata taattggtga1500  
 gacaaatatt cactttattt atattttata tattattttt ttaatttggg aaatactatc1560  
 cagttttgta gttgtccttg ttgatttggt tgatattaaa gtattagtaa taattgccag1620

```

gaaactatca ttagggaggg tttagttggt tgctgtttgg actgggaggg atgattttaa1680
tttagtgcta gaaaccaatt ttagtgactg cacagtttat catttgtag acagaaggta1740
gctataaaag taccctgtaa gtcatacaaa aaaagttcag aggaagatta gtaaattttt1800
atcaataaaa ataaacattt tgtttttcta atatcttaac atatcctccc cttaggagg1860
5 aagaacgtgc aaaacgtgag gagctagagc gaatactgga agagaataac cgaaaaattg1920
cagaagcaca agccaaactg gccgaagaac agttgagaat tgttgaagaa caaagaaaga1980
ttcatgagga aaggatgaaa ctagaacaag aacgacaacg tcaacaaaaa gaagaacaaa2040
aaattatcct gggcaagggg aagtccaggc caaaactgtc cttctcatta aaaacccagg2100
attaaattgc aaactctgaa ctttttaca agaaaaatgg aaaaactttg tatggtagct2160
10 tcatgttgaa gtggtttttt gtttttgtt ttgtttttt aatttgtaaa atctggaaag2220
ttagcttggt ctaatagggg ctatgctctg caattccctt ttttttttt ttttttctt2280
ccactaagtc aaatccttat cagatcattg ttgtattcta aggagtgcag tatttttcac2340
ctgttttgat tctatattag tggctgagc aagagcagat cacattgtaa aactatggat2400
ggtctgataa ggcttttact gacccactg acttcagagt tatactctgt ttgtacatc2460
15 ataatgctgg ttttgctgac tttttgttt tttatatatt tataaaaaa gaaaagttg2520
gtgattgcat tgggaaattc ccagggtatt actggaccta tgtggtgat tgttaaacca2580
gtgtccttgt gatactgttg ctcttgatgt tcctgataca ggtaaggaaa cagttgggtca2640
actctgatac aaagtatata tacagttcag tattgtctct gttcattttg tttttatttc2700
attgacaaaa tcaaaccagc attccccatt gtgtaataaa atgattttgc tgaataaagt2760
20 aaagtcttaa attcaaaaaa aaaaaaaaaa gaaaacaaaa aaaaaaaaaa 2809

```

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 910 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

40

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

45

```

agttcggcac agagaaagta ttttaaccta cctgtagaga tcctcgatcat ggaaagggtgc 60
caaactgttt tgaatggaag gacaagtaag agtgaggcca cagttcccac cacacgagg120
cttttgattt gttctacttt ttcagccctt tactttctgg ctgaagcatc cccttgagg180
gccatgtata agttgggcta ttagagttca tggaacatag aacaaccatg aatgagtggtc240
50 atgatccgtg cttaatgatc aagtgttact tatctaataa tcctctagaa agaaccctgt300
tagatcttgg tttgtgataa aaatataaag acagaagaca tgaggaaaaa caaaagggtt360
gaggaaatca ggcataatgac tttatactta acatcagatc ttttctataa tatcctacta420
ctttggtttt cctagctcca taccacacac ctaaaacctgt attatgaatt acatattaca480
aagtcataaa tgtgccatat ggatatacag tacattctag ttggaatcgt ttactctgct540
55 agaatttagg tgtgagattt tttgtttccc aggtatagca ggcttatgtt tgggtggcatt600
aaattgggtt ctttaaaatg ctttggtggc acttttgtaa acagattgct tctagattgt660
tacaaccaa gcctaagaca catctgtgaa tacttagatt ttagcttaa tcacattcta720

```

```

gacttgtgag ttgaatgaca aagcagttga acaaaaatta tggcatttaa gaatttaaca780
tgtcttagct gtaaaaatga gaaagtgttg gttggtttta aaatctggta actccatgat840
gaaaagaaat ttattttata cgtgttatgt ctctaataaa gtattcattt gataaaaaaa900
aaaaaaaaaa 910

```

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1447 Basenpaare

10

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

```

30 ggcagcggcgg cttagaaagt gcttctctgga ggcagacga ggtcatgaat catgtgacgg 60
 tggcttgagg aggaacctgt ctttaaagct gtccctgaag tgacagcgga gagaaccagg 120
 cagcccagaa accccaggcg tggagattga tcctgcgaga gaaggggggt catcatggcg 180
 gatgacctaa agcgattcct gtataaaaag ttaccaagtg ttgaagggt ccatgccatt 240
 gttgtgtcag atagagatgg agtacctgtt attaaagtgg caaatgacaa tgctccagag 300
35 catgctttgc gacctgggtt cttatccact tttgcccttg caacagacca aggaagcaaa 360
 cttggacttt ccaaaaataa aagtatcatc tgttactata acacctacca ggtgggtcaa 420
 ttaaatcggt tacctttggt ggtgagtttc atagccagca gcagtgccaa tacaggacta 480
 attgtcagcc tagaaaagga acttgctcca ttggttgaag aactgagaca agttgtggaa 540
 gtttcttaat ctgacagtgg ttacagtgtg taccttatct tcattataac aacacaatat 600
40 caatccagca atcttttagac tacaataata cttttatcca tgtgctcaag aaagggcccc 660
 tttttccaac ttatactaaa gagctagcat atagatgtaa tttatagata gatcagttgc 720
 tatattttct ggtgtagggt ctttcttatt tagtgagatc tagggatacc acagaaatgg 780
 ttcagtctat cacagctccc atggagttag tctggtcacc agatatggat gagagattct 840
 attcagtgga tcagaatcaa actggtacat tgatccactt gagccgttaa gtgctgccaa 900
45 ttgtacaata tgcccaggct tgcagaataa agccaacttt ttattgtgaa taataataag 960
 gacatatttt tcttcagatt atgttttatt tctttgcatt gagtgaggaa cataaaatgg1020
 cttggtaaaa gtaataaaat cagtacaatc actaactttc ctttgtacat attattttgc1080
 agtatagatg aatattacta atcagtttga ttattctcag aggggtgctgc tctttaatga1140
 aaatgaaaat tatagcta atgtttttcct caaactctgc tttctgtaac caatcagtgt1200
50 tttaatgttt gtgtgttctt cataaaattt aaatacaatt cgttattctg tttccaatgt1260
 tagtatgtat gtaaacaatg tagtacagcc atttttttca tatgtgagta aaaataaaat1320
 agtattttta aaaatataaa aaaaaaaaaa aaaaaataat ttttttgttc agactttttc1380
 caaaaatcta aacataatta atatactctt tcagccacat gaataaataa tgagtgtttc1440
 ttgtaaa 1447

```

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 671 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:
- ```

25 agcgcggtga agcgggggtg ggatctgaac atggcggcgg tggtagctgc tacggcgctg 60
   aagggccggg gggcgagaaa tgcccgcgtc ctccggggga ttctcgagg agccacagct120
   aacaaggctt ctcataacag gaccggggcc ctgcaaagcc acagctcccc agagggcaag180
   gaggaacctg aaccctatc cccggagctg gaatacattc ccagaaagag gggcaagaac240
   cccatgaaag ctgtgggact ggccctgggc atcggcttcc cttgtggtat cctcctcttc300
   atcctcacca agcgggaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaaggc tcggcagaac360
30 atcggttgtt ccaacacggg cgagtatgag agccagaggt tcagggcttc ctcccagagt420
   gcccgtccc ctgatgttgg gtctgggggt cagacctgag gagcgctgcg accctcctag480
   gctattgact gttaagtcct caggtttggt ccagattcca gttcgtgcct ctgaggtcca540
   ccagagggag catgaagccc aggctgttgc caaacctac cctgccccac accaaggagc600
   ccaccaaagg caaataaagt tattgagtgt ttagtagaaa ggaaaaaaaa aaaaaaaaaa660
35 aaaagtcgac c                                     671
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 803 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

gaagatgagg tggagaaga gtcaacagct ttgcaaaaaa ctgacaaaaa ggaaattttg 60
aaaaaatcag agaaagatac aaatttctaaa gtaaaaccca aaggcaaaagt tcgatggact120
10 gggtctcggg cacgtggcag atggaaatat tccagcaatg atgaaagtga agggctcggc180
agtgaataat catctgcagc ttcagaagag gaggaagaaa aggaaagtga agaagccatc240
ctagcagatg atgatgaacc atgcaaaaaa tgtggccttc caaaccatcc tgagctaatt300
cttctgtgtg actcttgcca tagtgatac catactgcct gccttcgccc tcctctgatg360
atcatcccag atggagaatg gttctgcccc ccttgccaac ataaactgct ctgtgaaaaa420
15 ttagaggaac agttgcagga tttgatgtt gccttaaaga agaaagagcg tggcgaacga480
agaaagaac gcttggtgta tgttggtatc agtattgaaa acatcattcc tccacaagag540
ccagactttt ctgaagatca agaagaaaag aaaaaagatt caaaaaaatc caaagcaaac600
ttgcttgaag ggaggtcaac aagaacaagg aaatgtataa gctacagatt tgatgagttt660
gatgaagcaa ttgatgaagc tattgaagat gacatcaaag aagccgatgg aggaggagtt720
20 ggccgaggaa aagatatctc caccatcaca ggtcatcgtg ggaaagacat ctctactatt780
ttggatgaaa aaataataac ggc 803

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 828 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

agcacttcca ggctgggggtg tttgtttgga ctggagaagg gaggcggcgg gcgaaggcac 60
gtcgagcggg ggagcggcgc tgcctgtgga gatccgcgga ggccgacagg attcgttggc120
tgccgtcccc gctgctgtgc attgggttaa aaacgacaac caacatcagc catgaaagat180
50 ccaagtgcga gcagtactag cccaagcacc atcaatgaag atgtgattat taacggctcat240
tctcatgaag atgacaatcc atttgacagag tacatgtgga tggaaaatga agaagaattc300
aacagacaaa tagaagagga gttatgggaa gaagaattta ttgaacgctg tttccaagaa360
atgctggaag aggaagaaga gcatgaatgg tttattccag ctgcagatct cccacaaact420
atggacaaaa tccaagacca gtttaatgac cttgttatca gtgatggctc ttctctggaa480
55 gatcttgtgg tcaagagcaa tctgaatcca aatgcaaagg agtttgttcc tgggggtgaag540

tacggaaata tttgagtaga cggggccctc ttttgggtgga tgtagcaciaa tttccacact600
 gtgaaggcag tattagaaga ctttaattgta aaagctctct tgtcactgtg ttacacttat660
 gcattgccaa agtttttgtt agtcttgcat gcttaataaa agtgctgaga cacttggttac720
 ctaagtaaaa agcctgggtcc aaaccatttt actgggaaaa taggattggg gccccatggc780
 5 cttggatggt ggaagaccgc caaggggaag gaaccaccag gcccaagt 828

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 10 (A) LÄNGE: 552 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 15 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 20
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
 25
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

30 ttggtttccg ggcaccaacca atgtgggagc tgtaatagta agagcttcct aaccaaagct 60
 tggattacc gtgtggggtt tcgttttttt cgtgggtggt tatttgattt tgattttttt120
 ttcttttatg tgatcttttg gaaaacacat tcagaattat atctcgtttc tacttaaatg180
 tagtgcttag ggttaatttt ttgtactgaa gctctttattg gtgggtgcat gctactggga240
 35 acaagttttt gtacaaaagc ttcaatcaga atcactgtgc attactgaga ctctgtttat300
 cactagcctt ctgtccctcc cgcagaagac tgttggattg aacaaaataa tatgtatttt360
 gatttactta aagtgttgtt aaatttctta gggacctgcc acttttgact gtggatcagt420
 tgatgtacac ttgtattatt aaagcactca ataaatcact gtggctgata actgcaaaaa480
 40 tgggaaccgc acatttgctt tgtgtcctgg tgaccgctgt agccctacgt gcagtgaggc540
 cttgtctaatt tc 552

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 45 (A) LÄNGE: 993 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 50 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

gcggtattaa tatttaattt atttttttta cttataggtc atgttgatgt ctatgataaa 60
cagatgtttt gcctctgaca gcagaacttc ctttcatttt tctcattcgt tttctttgggt120
15 ggggtcattt ttttgaatca accacacttc attatttcta ttaagcaatt tgacaggact180
gttgtagcct gcagtgtagt aaaccttctc atcgaaaact tttccatctt cccttaaaat240
gcttgctaata gtcaaaagtt gttcttgatt cttttgggca ctgaaaaatc catcgaaaaga300
ccgtacaaac acagtcattt cggctctatc ttcaatgaag acatctgact cttaaaggcct360
gggtggatca aattgctggt cagagggaa atacaggga atggtaatgg tagactcact420
20 aaaaggacct gaaccaggct ccacgtagct tgctactgga gctgtcatct ttattttcat480
ctctttctcg tttttgcctt gaatgtagct gttcagtttc gtaaagcccg tctggatggc540
tgaatcccag tccatagact ccacggacgt gctgaccac ttggctggc catagtgtcg600
gatctcataa ctcccggtt gggggccggc gtccctccgg gccttccagc ccggcgtctc660
cacagcttgg gccgccggt cctcgccgc ccgggggtct ggctggagcg gctcgcccat720
25 gggcgccgtg acgctctggg agcctggtca gccgcgcaga ggccccgcac ccggggccgc780
ccgcctgcg tgtgcgcgcc ccgcgaggc ccgagtcct cctccgcaga ccgggtccct840
cctccggcc gggctggaga ccgagccca ccgagtcgt ctgcctctgg accgcgagg900
ggcgccgcca ccaaggcggg gccggtcac gaccccgac agctccggcc ggagttgcgc960
gtcctgcccc cggcccccg cggcgacagg gag 993

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 2273 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

```

ctgcacctta gaaaaaaaa gaaaaatcaa aaaaacaaaa aaacaaaaac aaaaaaagaa 60
ggaaaaatcctt ggagggtggg cgtgggaact caggacccca gaggggcgag tgggtgtggg 120
agggagagcc tctctccccc ttttctgtgt gagaggaaact cttagtgtct ggtgcagcta 180
ttaaattgtgc aatgtgtcaa gtagctgtgt ttacacgcta caacatagct cttttgtaac 240
5 ccaattgtata agctgtgtat ttacaaatat aacacaacaa ttttaactttt ccttagaata 300
caaaaagtca tgcattgtct ggggaactat atgcttttcc atttttaagt caggactgca 360
atactgatcc cagttaatga gcagctaaga tccaatctgt ctaatacagt gacccccctag 420
ccatccgggc ctggcaatat acaatttttt ttcccccca agtttgtaac actccccttc 480
cagaaaggca ttgtgcaaca caggattatt tttaaatgat tctgaatttg aattaacttt 540
10 ttggagaatt ctgtgatgcc cttagaagaa attggacacg tattgagtgt cacaaagctg 600
gggctgggaa ttgctgtgtc aatgtttcat tagacttaag aacctaaat ttttctcagt 660
tgggtggata aaaccactaa cgcttagaaa ctgttttctc atgcagctat gtttctctta 720
tttatgcctt gaggactaat ttctgtttt ctagctgtta atgcactgtt gaccttcata 780
atgggtgcctt acgcaagcga tcccttctgt gggggtctca tacaggggtg tgggcgatgc 840
15 atgctttatt aaggctcttg tttcacctgg cagtgtactg tatcaacgta taatacagaa 900
aaaaaatctc ttttaaggctc tccttcacaa agacatagag tgaaactccc ttacatgctc 960
agtattttgtt caacacttta ggcaacttga ctgtcagtg taaaatggaa aacaggaaaa1020
tggaataatc tgaccaatcc tgccaccttg agactttcat atagaccttg cacaacaatt1080
gtatagatca cacaccggct gtattttaata tgtaacattt tcacacatat taaagatacal1140
20 gaagtattaa aaaaccccca atgttaatgt atttgcttaa aaggcacaag tttcacatat1200
ctgtctagct atctgttggg aatacagaaa gtatactact tttttaaaaa agtgggcaga1260
attcttgtgt atgtatattt gtgtgtacag tatgtgtatg tgtgtatata tatatattat1320
atatatagat aatatataaa tatttttttt aaggagaaac tagaatgttt agctagaaaa1380
ttccacagcc tgtgaagaaa tatttcaaaa tggccataaa ggaggtaaaa atgaaaaccal1440
25 taacctaaact tttatagagg ctttatcttt aatttaacga tgtgcggagg actttcttgc1500
ttgaatctgt tccgggctgt ctgctctgtc catcaaatgg gcaggtctgg aatggggcac1560
cttcggccgt tcagaagtgg cctgaacaga atgctggaac ccaggctgga ctcgacacac1620
ctaagggtttt gatatttgaat ttcagcctta ttagaagatc taacctaaaga gtaagctaac1680
cacagggttt cttttgtaga acacttttta tgcagatgaa gctatttttt ccagcaagta1740
30 gattcttcca gtttttccaa ggagtaattt cccgaattg gcataccacg gcgtggacag1800
ctgatatttc acccagctgc tggcttgtgg gtgtggctct ttgctttata tatatatacal1860
cacatgtgag tctggctggg ctgggtattt gtttgatctt cctggaaatg agcagtgact1920
aacgctcaca taactggttt tttttttatc tgggctgatg aatacattta cctaagaaac1980
tcatattcgtt ttactttaaga ggggaagtgc agttttcttt tggcagttca gaatccaagc2040
35 acttgatttg ctgggtttgg aaaactcctt ttttggcctt ctatgtgctt agccataaca2100
attccattaa gcaagaaggt aagcaaaaaga caaaaaaaa aaagggaata aaaaaaaact2160
tgcacgggct tgtctcactt acgaaacatg tcggagctgt ttgcctgggt ggggctgggt2220
accgtacctg tcaatgcctg ggattttcca taaatttagc acgggacata aag 2273

```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE: 986 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

```
gcgcgatata aacagttgga agagaaaatg gtacagcagt tacaagagga tgtggacatg 60
gaagatgctc cttaaaaatc tctgtaacca tttcttttat gtacatttga aaatgccctt120
tggaactctg gaactgctaa attattttat tttttacata aggtcactta aatgaaaagc180
10 gattaaaaga catctttcct gcattgccat ctacataata tcagatatta cggatgttag240
attgcatctc agtggttaaat ctttactgat agatgtactt aagtaaatca tgaaaattct300
acttgtaact atagaagtga attgtggacg taaaatgggt gtgctatttg gataatggca360
ctaggcagca tttgtatagt aactaatggc aaaaattcat ggctagtgat gtataaaaata420
aaatattctt tgcagtaaaa tattcccttt gttaatgtta tagaaggggg gatacaaaaa480
15 ggaactaaca atttgtatgg cagtgtcaga tatttttatt ttagtatttc ctgttttgg540
ttatttgcat cttagaagag cataatgaca ttgtttgatg aagcctaatt atgctggact600
gttttgacct ggtttaaccc ttctgatagg tagttgtgga tgctggggat gagaactgaa660
taatctttgc ctggagtgc actacactct agaatttcca ctttgagaa tactcagttc720
caacttgtga ttctgatag aacagacttt acttttctag ccagcattg atctagaagc780
20 agaggaatcc cagcgcttt taaaagtgt tatgtggtt tcttttaaaa agctcctgtt840
tttgaaaagt agaatttatg ggtacaacgt atgttcatta tttgtacata aaataaaacc900
atttaaaaag ttaaaaaaga aaaaaaaaag gggggaaaaa aaaagagaaa aaggaaagg960
aaaaagaaaa aggaggggag aagaga 986
```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 526 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```
gcgtctatat tacatttatt gacactggat atttattatc tgttatatac caggcaaaat 60
ggacacacca tcaggagata agacctgtat cttacgtgta agatgaaact tatgcaaaag120
gcacagaaca aattatttgt tcacagttac ttttaactct ttcagcaatg cctgagtcct180
ctttatagaa acttcatttt gctaagttag caaccattca tttttttgggt tactcttcat240
gtatagtttt ctcaagtgtc tcttcaaata ctgcataatg gtatagacca tttaatattc300
caaacataat ctgaaagact agaggaatcg ccattaattt catttgtgtt tgacaaagcg360
55 tcatccaatg gattaaaacc cttccttttg gtggcagtg aacggtatga tacctaaaaa420
```

gaaaaaagag ttaatcacct ctcttgata tgaatgctat tagaagtttg ttgactttctc480
ctaaattgat aattgccttt ctagatctat aatgtagaga gcaaaa 526

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1765 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

30

tttttttttt tttttttttt gctgtttttt atttattttg gattgttgtc aaataataat 60
ttatttttaa aaaatctcaa aacatgttca aacacattca gtagcaaaga tccaccattg 120
gcacacacat taagaaagca cacacactag gcttctagtt gggctaatta aaatctctat 180
ggctggaaag gtggttggtt gtacttaatt aagctttttt gaagtgcaa gctatgcata 240
acagatgagc ttgaaagctg cagagttaa gatagactta atttttcatg attttcccaa 300
agccagtcac gatattttatt taattttgtg tcttcagggt gcaccaatcc catgaagctc 360
aattggatac ttccactgct ttgtcaggta ttcatctgag aacttgacaa tggtttttgc 420
35 ccgaagatcg tagagaccaa gaggtttaag aagttctgac acatctctcc agtctgcggg 480
tcttgctacc tcagctgaag gatacttctc cagaaacttc caaagcacag gtattgccat 540
tttgccctgag gtccgattga gaaatatagt agcgatgaga agcttccatg gatcatgaaa 600
aagtgtttct tgaacgagat taaaagggtga ccgaggaggt gtccatttct taaaggcttt 660
acgtcgtggg gggctaagag cttctttggt atatttgctg gaaaaatata ggcttggttt 720
40 ccttctttct atctgtgttc gtgggatggg atcttcagtg aagtctttcc tggttggtga 780
gcagttgttg tccatttcag agccacgttt taaaatgtca gtatgcaaat gttctttcct 840
ttccacaact tctacttttg ttccgatttc ttcagattct aaaaaggtat cctcatactt 900
ctcgttgtgt tctgagtcct tggctgaaca aaatttgttt atgatgccag aagttttttg 960
ttcagaacaa aaatttgatc ctgaactcaa tgatctttct ttttttttta caaggctgtt1020
45 ttcttcaactg gtcacactga ggtctcacc acatgtctca gcatcagaaa tgcagacagt1080
tctatcaagc tgactttttt gtgcaacagg ttcactttca gcatctgctt tattacacac1140
agattctctt ttgctatcac ttgaacaaa acctgaacag ctcttctctac atcctttttt1200
agttttctta attgggattc ctttcaaaat agtcaccttt cctttgggct ttctaacctt1260
tctgaagtta acatcatcaa caccctcatc ttctttcaaa agcaaatgag tggaagttaa1320
50 gttagagagt cctctgctct cctgcaacte tgaactacta cttggcggca taaacacatc1380
ctttttgcac ttgcttcggg tcctgaggtt ccagtttgaa ttgttacttt ggtttttag1440
atgggatgtc agggctgcca tgctgcagtc tttatatctt gacttgatac cccttttaga1500
aagtacagta aaatcaaaat cttctggctt aagagaagtc tctccatttt tgtgaagata1560
attagcaagt gaacttttg atctgaactt cagtccttgt gggctagaaa atgatattaa1620
55 aggaaactta ctgctagtaa atagaaggga cttttaaaag aactggacca catttcagat1680
ttctaattaa ttccaaatg ttgccatagg tatctgtcat ttaaaaatga aaaagagtga1740

taaatggcac ttttaaattgg ttccc

1765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 746 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

gttttttttt gttttcttta aatttgatg tctctacacc actcctgatt tgtaggacta 60
aatagatcta ttattccaa tgcaaatgt gtaacattta tttcttcctt gatttttaaa120
30 aatactttag tattcttaac tatgtatgtg ccttctctta cactgagttc ttttttgctc180
ctttcagctg ctcacacaat cctgtctgtt ggagtcatag ctgctaattc catattattt240
ctctacacac cttgaacatt tagtgtatta ctggtaccct tctgtgttct aggaacaaa300
tgaattgcaa actggacttg taacaggatc atacatagag caacaaatta gctactggct360
ttgtaagata gtaagttagg aatttcacag tcatgtctcc aaatttcatt gcagagttaa420
35 aaaaacaata taagactgtg gtaaggtaga aacgcaaag caatttgcgt tgactaattt480
cctaggactt atttccttat gtaaaacccc tggtctttct ttcctgccac aagacagggt540
acaaagcttt ctaaaacatg ctctcaggtg tccacacctg agacattgct ttgtggatac600
tctcaaagggt gtccacaaag caaaaaaatc agaccaaag ctaagagcaa gtaacttata660
cctcaccacc tggacatggc actggcaaaa gtcacttcag cattagaaca gtaatgtttt720
40 tgctaaatta ctaaaataat agccgc 746

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE: 659 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

15 agcagactca caccagaact acattccctg gccccctgcc tgtgtgcttc tggccaggcc 60
ttggttgcca agtctgaccc gagaaaagga tctgcagaaa atcagactat gggatcactt120
tggttggtgca ttgggaatga cattctttcc caccacagga aaacctttgg gactttcaga180
gacattgtgg ctagccaacc acatggtcag cctcaaagtt gagaggctca gtaaccctcc240
taccctaga gaattccaaa gtgtggatgt aatttaacta gaaagccatt ggtgactatc300
tgtgatcttc tggaagtatg ctatgtttgtg tatactttgc atccaaagcc agagggaacc360
acaatgacta gtaaaacggt ggtctcaatg cccacttagc ctctgcctct gaatttgacc420
20 atagtggcgt tcagctgata gagcgggaag aagaaatag cattttttat gaaaaataaa480
atatccaaga gaagatgaaa ctaaatggag aaattgaaat acatctactg gaagaaaaga540
tccaattcct gaaaatgaag attgctgaga agcaaagaca aatttgtgtg acccagaaat600
tactgccagc caagaggtcc ctggatgccg acctagctgt gctccaaatt cagttttca 659

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 357 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

50 cgcagtgcgc agccgtgggg ctctctcctt gtcagtcggc gccgcgtgcg ggctgggtggc 60
tctgtggcag cggcggcggc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcg120
cgccgcgccc ttctccctgg agtaccgagt cttcctcaaa aatgagaaa gacaatatat180
atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggta aggcacacctt gtttttgac240
acagtctctt tactcagatc agctagttct acatatgaat tttcttatat gtctctcaac300
aagtgcctaa aatgcctcgt tgtgctgtga gtaaaaggtct gttgattagg ctggggcg 357

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 5 (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

25
 cggaggcagc ggaaagccga gccaggcgcc tgcgcgctgg gaagagtagg ttcagagtgc 60
 attccggaac ccggggcgcg gcgcactgcg caggcgggccg gactccgctc agtttccggt120
 gcggcggaaca ccaaagtccg ggaacttaag cattttcggg ttctaggggt gttacgaagc180
 tgcaggagcg agatggagggt ggacgcaccg ggtgttgatg gtcgagatgg tctccgggag240
 30 cggcgaggct tttagcgagg agggaggcag aacttcgatg tgaggcctca gtctggggca300
 aatgggcttc ccaaacactc ctactgggtg gacctctggc ttttcaccc tttcgatgtg360
 gtggtgtttc tctttgtgta ttttttgcca tgacttggtc gctgatatct aaattaagaa420
 gttggttctt gagtgaattc tgaatatggc tacaacttc ttgaataaag aagacaggac480
 tctcaataga agaatttcac atctccaagg gaccttcct ttcattttac actttgttac540
 35 taatttgcag aactctatta attgggtagg atttcaccca ttcctagcta agttcttaaa600
 attaaacct ttggttcgtg tttaaaaact ttcaaaccac tgatggcttt acaggggctg660
 aatataaaag catttgact taaaggctct gtgtattcat taagaaatat agtaatgtct720
 tttaatgttt taagagttga tcagggttta ctatggatgg caagtaatag ggatgattaa780
 taaggggaag gtttttatgg aatttcaaaa gtcaatttat ttcaaaagcg ggggaaaggg840
 40 ttttgagagg aggggggccc aaggtgttcc tgggggttgc cgagggaggc 890

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 45 (A) LÄNGE: 651 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

gcccgtatatt gcatactaca tcagcaaaaag gtggttcgccc tttataagcg ggcgctacgc 60
cacctcgagt cgtggtgctt ccagagagac aaataccgat actttgcttg tttgatgaga120
15 gcccggtttg aagaacataa gaatgaaaag gatattggcga aggccaccca gctgctgaag180
gaggccgagg aagaattctg gtaccgtcag catccacagc catacatctt ccctgactct240
cctgggggca cctcctatga gagatacgtg tgctacaagg tcccagaatg gtgcttagat300
gactggcatc cttctgagaa ggcaatgtat cctgattact ttgccaagag agaacagtgg360
aagaaactgc ggagggaaaag ctgggaacga gaggttaagc agctgcagga ggaaacgcca420
20 cctggtggtc ctttaactga agctttgccc cctgcccga aggaaggtga tttgccccca480
ctgtggtggt atattgtgac cagaccccgg gagcgccca tgtagaaaga gagagacctc540
atctttcatg cttgcaagtg aaatatgtta cagaacatgc acttgcccta ataaaaaatc600
agtgaatgg taaaaaaaaa agtgccattg tagtatgcaa taataagcgg c 651

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1256 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

ctcgagccga attcggctcg agctttcatc tgaccatcca tatccaatgt tctcatttaa 60
50 acattaccca gcatcattgt ttataatcag aaactctggt ccttctgtct ggtggcactt 120
agagtctttt gtgccataat gcagcagtat ggaggaggga ttttatggag aaatggggat 180
agtcttcatg accacaaata aataaaggaa aactaagctg cattgtgggt ttgaaaagg 240
ttattatact tcttaacaat tcttttttca gggacttttc tagctgtatg actgttactt 300

```

aaactatcta aaatagagca ttttgggtatc tttcatctga ccatccatat ccaatgttct 360
catttaaaca ttaccagca tcattgttta taatcagaaa ctctggctct tctgtctggg 420
ggcacttaga gtcttttgtg ccataatgca gcagtatgga gggaggattt tatggagaaa 480
tggggatagt cttcatgacc acaataaat aaaggaaaac taagctgcat tgtgggtttt 540
5 gaaaaggtta ttatacttct taacaattct ttttttcagg gacttttcta gctgtatgac 600
tgttacttga ccttctttga aaagcattcc caaatgctc tattttagat agattaacat 660
taaccaacat aatTTTTTTT agatcgagtc agcataaatt tctaagtcag cctctagtcg 720
tggttcatct ctttcacctg cattttattt ggtgtttgtc tgaagaaagg aaagaggaaa 780
gcaaatacga attgtactat ttgtaccaa tctttgggat tcattggcaa ataatttcag 840
10 tgtggtgtat tattaaatag aaaaaaaaaa tttgtttcc taggttgaag gtctaattga 900
tacgtttgac ttatgatgac catttatgca ctttcaaag aatttgcttt caaaataaat 960
gaagagcagc tgccttctt tctcttttta agtgttcagc tgtggcatgc tcagaggttc1020
ctgctggatt ccagctggag cgggtgtgata cccttctttt tcagctgttc gtgccttct1080
ttctgtatc caccaaagt gagacaaata catgatctca aagatacaca gtacctactt1140
15 aattccagct gatgggagac caaagaattt gcaagtggat gggttggtat cactgtaaat1200
aaaaagaggg cctgggaatt ctgcgattc catctctaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1256

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 694 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```

gtttctaaag gatgtgtaag aaaccagagg taaaggctct gcgatatctt aagacatccg 60
gcgtagtacg cttcagttag ccacagcgct agagaagtag gagaagctcg cgagatctgt120
gccgttgccg aggagactag gagggggagg agaggggagc tcgcgaaagg aaagaggctcg180
45 ggagcgctcg cgagatctcg gaccaccaa cctgaaagg gcttaggaag ttgaaaggcc240
cagaggaggc ctccgggcaa atggccggag ctggaccgac catgctgcta cgagaagaga300
atggctgttg cagtcggcgt cagagcagct ccagtgtctg ggattcggac ggagagcgcg360
aggactcggc ggctgagcgc gcccagacgc agctagaggc gctgctcaac aagactatgc420
gcattcgcat gacagatgga cggacactgg tcggctgctt cctctgact gaccgtgact480
50 gcaatgtcat cctgggctcg gcgcaggagt tcttcaagcc gtcggattcc ttctctgccg540
gggagccccg tgtgctgggc ctggccatgg taccggaca ccacatcggt tccattgagg600
tgagaggga gagtctgacc ggccctcgt atctctgacc acgatggcgc ttacctttca660
gacttcatta aacttatgac cgaaaaaaaa aaaa 694

```

55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1927 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
5 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
10
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
20 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

```
gcgagtat tttttttttt tttttttttt acagaaattg acctttattt gttgtactaa 60
25 agcctgttta acttttgata caaagtaaca ttttagtaca gaaaatccca gtctgtcagc 120
tcagtacctg tctgtgcaca ctgtaccatc tcagtcccac tctgcctgta acttagaaaa 180
cagcccctac cccagagggg tctgcgagtt aataccttga gaatagtcta cagtttttca 240
tagtttgtct gagctagaaa acttgtacct gtaaaacaaa ggacagcatt gaggactgaa 300
acttgtctct tttttgaaca actgtgcaag aaaatatatc cttttttaa aaacatcagt 360
30 tatggctaaa ctacaatcta gtgtctagaa ttacaaagaa taaaatgaaa tcaaagattt 420
ctcgctagta aaatgaaatg ttaggaacag tattaataa taggtcctac cccaacgaca 480
cttacacaga gccaggtaca gtacctatta ttaacaggag gcatagctta aggaggaacc 540
acatcaaadc ttcagccaga catatctagc ctcagaagtg caaaaaaaaaaaaagcccc 600
aaacgaagac acccactg agtaggggtgc atgccgtgag tgctgtaatc aagattaaaa 660
35 agacctcagt tttctttttt agactgttga tagtgacaat aaccattatg cttcccctaa 720
aagctctcaa ttcaatgtct gaaacatgaa tgttttcata tcaaaaagaa ctgatgtacc 780
tgccaccctc taaaaagttt aagaattacc ctgcaaacat tgactgatg aaggctgtca 840
cgacttacag agcctaagga ggacccaatg gcaggcatca gcacagctga acaccacctg 900
gaccccaactg cagccctgcc cagcgagctc tcacggagca gacacagtcc tcaagtaata 960
40 agcacagatg gaggagaaac gagaggctgt ggaaggcagg agagaaaggc cgagagacga 1020
gtttgtaaga atgccaaagt caccttcccc attgtgggag gaaaatgcc aaggcactgg 1080
ttctgctgcc acaggcagtc tgagcacctg gagttgtgac gtccttccag gagagggtgc 1140
accaaggagc aggaggtttg tcaaagctct ggtcccacca acaagaacct cccaaagcaa 1200
agcagccccc attgaggttc caaggctcgt ttgctgaaga cgggaacgaa accaacacca 1260
45 aagcgacagg gggttgacag aggggacagg ggctgggcac cggcaacatg gagccgttca 1320
agtaaacata aaccacaaa tacttagaaa aggcttgtaa acgagtgatc cgaaaggttc 1380
tctttgcagc atctctgatc agctggctaa agaaagggtg gtgctgaacc cgtctttagt 1440
gttatctgtt ttgtgttaaa gcacacgtgt gacacgggca gagtgtgtgg gcctgggcct 1500
ggatcgacag cagccgtggc cctctgtcta caaaggaggt gcttctgggt cctgggtccg 1560
50 gatccttccc ccgcatgttc atagacggag agacttctac tttcagtcgc tagaaaagag 1620
ctgagctctg gttccctcca ggcggccagc tgcagtcac cacagcacag cattctccta 1680
gagcgggcag gctggaatcc acaggacttt atttgtttct tgattgacca ttgccaagat 1740
ctgagtgcaa atgcttgaca gggctcctcc ctggatgacc cctgcaaaaag agccccccag 1800
acacgtcatt cagctcagag taagacccca ggtttgaggc aaggcagtac agcttgact 1860
55 ctttctactg tgtggctgtc tgctttgtgc tccttggcac tctgctccat cccacctga 1920
ctctcct
```

1927

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 672 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

```

25 gcctttttat tttttttttt tggtcgttat gctgcattta ttatgagaat caacagtcaa 60
   cagttaatga ttgactaact cttgttggtc actctggaca ttaacgaaaa agactggaat120
   agggctacag cgctgctttt atgctacacg ggttatgctt ggactctgac tcccagcagc180
   aggtagattc aggaattcat ggcagtgaca ttcacatca tgggaaacac cttccctttt240
   cttcaggatt ctctgtagtg gaagagagca cccagtgttg ggctgaaaac atctgaaagt300
30 agggagaaga acctaaaata atcagtatct cagagggttc taagggtcca agaagtctca360
   ctggacattt aagtgccaac aaaggcatac ttctggaatc gccaaagtcaa aactttctaa420
   cttctgtctc tctcagagac aagtgcagact caagagtcta ctgctttagt ggcaactaca480
   gaaaactggt gttaccacaga aaaacaggag caattagaaa tggttccaat atttcaaagc540
   tccgcaaaca ggatgtgctt tcctttgccc atttaggggt tcttctcttt cctttctctt600
35 tgttttagtct tcgttctctt ttccagtttc catcagatct cccctcgtg ccactggaat660
   ctcagagggt gc
                                           672

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 269 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

10 ccgcataccta gccgccgact cacacaaggc aggtgggtga ggaaatccag agttgccatg 60
gagaaaattc cagtgtcagc attcttgccg cttgtggcgc tctcctacaa tctggccagg120
gatagcacag tcaaacctgg agccaaaaag gacaggaagg agtctcgagc caaactgcgc180
cagaccctct ccagaagtgg ggggaacaa ctcactctgga ctcagacgta tgaagaagct240
ctatataaat cgagactagc aactaacc 269

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 604 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

40 tgcgagggcg ggatagctgt ccaaggtctc cccagcact gaggagctcg cctgctgccc 60
tcttgccgcg gggaagcagc accaagttca cggccaacgc cttggcacta ggggccagaa120
tggtacaaac agtccctgat gggtgccgca atggcctgaa atccaagtac tacagacttt180
gtgataaggc tgaagcttgg ggcacgtcc tagaaacggg ggccacagcc ggggttgtga240
cctcggtggc cttcatgtct actctcccg tctcgtctg caaggtgcag gactccaaca300
ggcgaaaaat gctgcctact cagtttctct tctcctggg tgtgttggc atctttggcc360
45 tcaccttcgc cttcatcctc ggactggacg ggagcacagg gccacacgc ttcttcctct420
ttgggaccc cttttccatc tgcttctcct gcctgctggc tcatgctgtc agtctgacca480
agctcgtccg ggggaggaag cccctttccc ggttggtgat tctgggtctg gccgtgggct540
tcagcctagt ccaggatgtt atcgctattg aatatattgt cctgacgatg aataggacca600
aggt 604

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 781 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

25 ctttaaatgtg cctagagcaa tggaaatgggg cactttgggg gcggtggaat tcaagacgct 60
 ctggctgaag attcagaagt atctggtaac tctcttttcc ttctgggcat cctctcctct120
 gttcctaacc tcccttacac tcattcctgg tccattgtat tctgaccaca tccttaataca180
 tgggtcaaac tattgagtc tgggcacatt ggtcatgaag gaacaagaag gcaatgagag240
 actctcatgc caaccactgc cctgaaagcc ctgctgttca gacagcaaag gggccagcac300
 tggccaagct cttatgcttg ctctgaaacc ttcttgggag gagtcaatag ggtctccttt360
 tgaaagtgtc cctggccttt tgagaaagca gtgtggtgga gggagatggt tctggcaggg420
 gccgtgaatg gttgttttct acttgggatt tctttcctgc tttaggagat ctattgggaa480
 30 actgattata accactcggg caccatcgat gccacgaga tgaggacagc cctcaggaag540
 gcagggtttca ccctcaacag ccagggtgcag cagaccattg ccctgcggtg tgcgtgcagc600
 aagcttgga tcaactttga cagcttcgtg gcttgtatga tccgcctgga gacctcttc660
 aaactattca gccttctgga cgaagacaag gatggcatgg ttcagctctc tctggccgag720
 35 tggctgtgct gcgtgttggc ctgaccgcc aaacttgacc tagaagatgg ggggggcctc780
 c 781

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

40

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 304 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

45

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

i) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

10 ggccactgcg gcgagacgcg aggaactgtc gctcgtactc gtgcgcctcg ctttgetttt 60
cctccgcaac catgtctgac aaacccgata tggctgagat cgagaaattc gataagtcga120
aactgaagaa gacagagacg caagagaaaa atccactgcc ttccaaagaa acgattgaac180
aggagaagca agcaggcgaa tcgtaaggag gcgtgcgccg ccaagtatgc actgagatgc240
gagaagtgtt gcgtcgaatt tacctgcttg agggggtaaa gttgggaagg tggaaaagg300
gtgg 304

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20 (A) LÄNGE: 1528 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

40 aattcggatc catgggccac agtggatggc ttgaaatgtg gctgagcgct tcggacactt 60
cggatccatg gtggccacc caagacgcgc cccagcccgc catggcccgg atcctccggg 120
atcctgcctt ctgtccctgc tcctggccgg gtttggtccg ccgggcccgg gacaagagaa 180
gtctaagaca gactgccatg gcggtatgag tggtagcatc tacgagtatg gagccctcac 240
catcgatggg gaggaataca ttccctttta gcatgatgca ggcaaataa tcctctttgt 300
45 caacgtagcc agctactgag gtctgacaga ccaatacctt gaactgaatg cactacaaga 360
agaacttggg ccatttggct tggctattct gggcttccct tccaaccaat ttggcaaaca 420
ggagccaggc gagaactcgg agatactccc cagtctcaag tatgttcgac cagggtggggg 480
ctttgtgcct aatttccagc tctttgagaa aggagatgtg aacggggaga aagagcagaa 540
attctacact ttccctgaaga actcctgccc tcccactgca gaactcctgg gctcacctgg 600
50 ccgcctcttt tgggaaccac tgaagatcca tgacatccgc tggaactttg agaagtccct 660
ggtggggcca gatggcatac cggttatgcy ctggtaccac cggaccacag tcagcaacgt 720
caagatggac atcctgtctt acatgagggc gcaggcagcc ctgagcgcca gggggaagta 780
actgatgccc ccaccctacc cctaccccct gccatcatg caagggccga ggaggggctc 840
ttcaggaagg aagccacatt cccagtcatt ctacccccac cccagattct ctttcttatt 900
55 acataaaaga caagcctggc acaactgtgt gtctgaacca ctgtggacac gtgacaattg 960

```

tcccagtgtg tgcattggcta cacagccacg tatctgcctg cttgaaaccc agggatgggtc1020
catctgtgtt tacggcttgg cacaacaccc tcatattttt ttcagctttc tgttccaaat1080
gagcccaaag gaaacacaag ttctaggtcc aatggttctg ctcaaacctg aacatcattc1140
ttggggccag catctccccc atgcccacac tacacaccac cagcctcctt cttccttcct1200
5 gaaggaccct cctgagcccc caagcccatc ccacagtgtc cctgagacca gccaaagaca1260
ctgtgagcgc gatggcctg taccacaggt caggggtggt gtctctatga aggaggggcc1320
cgaagccctt gtgggcgggc ctccctgag cccgtctgtg gtgccagccc ttagtgcat1380
caggcttagg ctcccaggca gggacactac ccccgccct ctggaggaca tgctatcctc1440
tactctgtc cactggtatc tcaacacccc catctgccca gtaaaggtct ttctgcagca1500
10 aaaaaaaaaa agaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1528

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 15 (A) LÄNGE: 499 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

```

35 ggcaggtctc agcgtctctc cccctgctcc gctcctctgc agggcccagg cgccttggc 60
cttaggaccc aacttctctt accgccatgg agttcgacct gggagcagcc ctggagccca120
cctcccagaa gcccggtgtg ggggcgggcc acgggggaga tcccaagctc agtccccaca180
aagttcaggg ccggtcggag gcaggggcag gtccgggtcc aaagcaagga caccacagct240
40 cttccgactc cagcagcagc tccagcgatt cggacacgga tgtgaagtcc cagctgctg300
gctccaagca gcacgagagc atcccgggca aggccaaaga gcccaaagtg aagaagaagg360
agaagggcaa gaaggagaag ggcaagaaga aggaggctcc ccactgaagg gccctggaca420
gggctcatta aaccttcctc tctgcctacg agtaccaccc acctggagct aagatgctta480
ggtagggggg ggccgccga 499

```

45

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 50 (A) LÄNGE: 1396 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

15

```
gggcacccgt tagttgggaa cagcgggaacg ctgggtcccg ggactgagta aggtgtctgg 60
atcggaggga gggttcgggtg ggcatcgggc ggctggaaga gctcgactcg tcccgtctgg 120
aaagcgcgag tctgagtggg accctggacg acttgacagag cggctggcgc agtcattggc 180
gactactgga agtcacagcc aaagaaattc tgtgattact gcaagtgtct gatagcagac 240
aataggccta gtgttggaatt tcatgaaaga ggaaagaatc ataaggaaaa tgtggcaaaa 300
aggatcagtg agattaaaca gaaaagcctg gataaggcaa aggaagaaga aaaggcatca 360
aaggagtgtt ctgcaatgga ggcagctgcc ctgaaagcat accaagagga tttgaaaaga 420
cttggcttag agtcagaaat tttggagcca agcataaacac cagtaaccag cactatccca 480
cctacctcga catcaaatca acagaaagaa aagaaagaga agaagaaaaa aagatccttc 540
25 aaagggcaga tgggtagaag gcataacctc tgagggttac cattactatt atgatcttat 600
ctcaggagca tctcagtggt agaaacctga aggatttcaa ggagacttaa aaaagacagc 660
agtgaagacc gtttgggtag aagggttaag tgaagatggt tttacctatt actataatac 720
agaaacagga gaattccagat gggagaaacc tgatgatttc attccacaca ctagtgatct 780
gccttctagt aagggtcaatg aaaattcact tggcacccta gatgaatcca aatcatcaga 840
30 ttcgcatagt gattctgatg gggaacagga agcagaagaa ggaggggtct ctacagagac 900
agaaaaagcca aaaataaagt ttaaggaaaa aaataaaaaat agtgatggag gaagtgacct 960
agaaacacag aaagaaaaaa gtattcagaa acagaattca ttaggttcaa atgaagaaaa1020
atcgaaaact cttaagaaat caaacccata tggagaatgg caagaaatta aacaagaggt1080
tgagtctcat gaggaggtag atttggaact tccaagcact gaaaatgagt atgtatcaac1140
35 ttcagaagct gatggtggcg gagaacccaa agtgggtatt aaagaaaaaa cagtcacttc1200
tcttgagatt atggcagatg gagtggcccc agtcttcaaa aagagaagaa cttgaaaatg1260
ggaaaatctt aggaaaattt aagggaacg aggtgatgat ccaatagttt gcagggagag1320
cttttttgtt acatgctttt tagggaccag aatggggaga ctttttgcca cccccaagt1380
ttgtcccggt ttttgt 1396
```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 808 Basenpaare

45

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

```
10 cctctgtcca ctgctttcgt gaagacaaga tgaagttcac aattgtcttt gctggacttc 60
   ttggagtcct tctagctcct gccctagcta actataatat caacgtcaat gatgacaaca 120
   acaatgctgg aagtgggcag cagtcagtga gtgtcaacaa tgaacacaat gtggccaatg 180
   ttgacaataa caacggatgg gactcctgga attccatctg ggattatgga aatggctttg 240
   ctgcaaccag actccttcaa aagaagacat gcattgtgca caaaatgaac aaggaagtca 300
15 tgccctccat tcaatccctt gatgcactgg tcaaggaaaa gaagcttcag ggtaaggga 360
   caggaggacc acctcccaag ggcctgatgt actcagtcaa cccaaacaaa gtcgatgacc 420
   tgagcaagtt cggaaaaaac attgcaaaca tgtgtcgtgg gattccaaca tacatggctg 480
   aggagatgca agaggcaagc ctgttttttt actcaggaac gtgctacacg accagtgtac 540
   tatggattgt ggacatttcc ttctgtggag acacggtgga gaactaaaca attttttaaa 600
20 gccactatgg atttagtcat ctgaatatgc tgtgcagaaa aaatatgggc tccagtgggt 660
   tttaccatgt cattctgaaa tttttctcta ctagttatgt ttgatttctt taagtttcaa 720
   taaaatcatt tagcattgaa acggagaact ctgcgggcta gtaaccacaa ggtacggagc 780
   aaagatcacc cagggtggaa gaggtgga 808
```

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1139 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

```
50 tttttttttt tttttttttt ttttttgcag caatacctcc tttatttgat cctgttttat 60
   gtccacatat gtactgtatt atcacagatg caactgattt atcatagagc actcagaaaa 120
   catggaaaag tattttttaa aatcgaataa tcctattcaa gtcaaccagt gtttaacccg 180
   gtgtgcttcc tgccagtctg ttccctcccca tgggagtcac acaaaatgaa aatctcctag 240
   aaagagaaat tcctctgtcc tctgacttct tcacttagta cgctgcgacc ttcccatgtt 300
   gttcaacatc ctcaactcgg agcgtcactg gctggagggt gtctataaat ggaattggct 360
```

```

taactatctc ttcactgaaa ggtggacatt tagggagtgt ccagttttca gctgtcataa 420
acaactgcct tagacggcaa agaattcaca ggtcaatcgt tcccttcgct ttgaacttct 480
tcgcagaccg ttcacttgac cgaagctgga atttgctccc gtaaagttag gaaataaagc 540
catcggtttc cacagtgaac acgcagttta gcttggggat aactttcagg cggctcttct 600
5  tggtgataat tttgaaaatg tgctttgttt cctgtagaag gattcctgta ataccacat 660
aagaggggca tttggatttt gtcactgaaa taatagcccc gtgaagatct gcctttaaga 720
gcttggcctg aatcatctgt ggctgcgtgt ctggcttgag cccactgcac aggtccctga 780
tgtactgttt ccagagtcca tggagaggga ggaaaaggct gtatctctgc tgctctggtt 840
taatgtcaaa gagccgcagc tccctccttt gcctggcaga gaagcctttg gctttcttct 900
10 tcttctcctt gcgcttggtg cgggtgaagt actccaggac caccgccttg cgctgcagct 960
ggtcctcgcg ggctcgcggt ctcatgcggg gcgtctgcgc ttcaggaagg ccctcacgaal020
ggcctcggcc cgctgtgctc ctgaaggctg gacatcgag tcattcgctt ctttctgaga1080
caatgcacatg tagatcacac tcttcattct cggaccgctt ccggcgctct ctgatgacg 1139

```

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2177 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```

gcccacgcgt cgggtcgccg ccggcagcga acagcagcag cagtcagcct tcattcagga 60
40 aagacagcca gttgctctca tgcgtttatt gtctttcaat gtgcctcata ttaaaaacag 120
cacaggagaa ccaatatgga aggtactcat ttatgacaga tttggccaag atataatctc 180
tcctctgcta tctgtgaagg agctaagaga catgggaatc actctgcac tgcttttaca 240
ctctgatcga gatcctattc cagatgttcc tgcagtatac tttgtaatgc caactgaaga 300
aaatattgac agaattgtgc aggatcttcg aaatcaacta tatgaatcat attatttaaa 360
45 ttttatttct gctatttcaa gaagtaaaact ggaagatatt gcaaatgcag cgtagcagc 420
tagtgacagta acacaagtag ccaagggttt tgaccaatat ctcaatttta ttactttgga 480
agatgatatg tttgtattat gtaatcaaaa taaggagctt gtttcatatc gtgccattaa 540
caggccagat atcacagaca cggaaatgga aactgttatg gacactatag ttgacagcct 600
cttctgcttt tttgttactc tgggtgctgt tcctataatc agatgttcaa gaggaacagc 660
50 agcagaaatg gtacgagtga aactagacaa gaaacttcga gaaaatctaa gagatgcaag 720
aaacagtcct tttacagggtg atacacttgg agctggccaa ttcagcttcc agaggccctt 780
attagtcctt gttgacagaa acatagattt ggcaactcct ttacatcata cttggacata 840
tcaagcattg gtgcacgatg tactggattt ccatttaaac aggggttaatt tggagaagac 900
ttcaggagtg gaaaactctc cagctggtgc tagaccaaaag agaaaaaaca agaagtctta 960
55 tgatttaact ccggttgata aattttggca aaaacataaa ggaagtccat tcccagaagt1020
tgcaagaatca gttcagcaag aactagaatc ttacagagca caggaagatg aggtcaaacg1080

```

```

acttaaaagc attatgggac tagaagggga agatgaagga gccataagta tgctttctgall140
caataccgct aagctaacat cagctgttag ttctttgccca gaactccttg agaaaaaaag1200
acttattgat ctccatacaa atgttgccac tgctgtttta gaacatataa aggcaagaa1260
attggatgta tattttgaat atgaagaaaa aataatgagc aaaactactc tggataaatc1320
5 .tcttctagat ataatatcag accctgatgc aggaactcca gaagataaaa tgaggttgtt1380
tcttatctat tatataagca cacagcaagc accttctgag gctgatttgg agcaatataa1440
aaaagcttta actgatgcag gatgcaacct taatccttta caatatatca aacagtggaa1500
ggcttttacc aagatggcct cagctccggc cagctatggc agcactacca ctaaaccaat1560
gggtctttta tcacgagtca tgaatacagg atcacagttt gtgatggaag gagtgaagaal620
10 cctgggtttt aaacagcaaa atctacctgt tactcgtatt ttggacaatc ttatggagat1680
gaagtcaaac ccgaaactg atgactatag atattttgat cccaaaatgc tgcggggcaal740
tgacagctca gttcccagaa ataaaaatcc attccaagag gccattgttt ttgtggg1800
aggaggcaac tacattgaat atcagaatct tggtgactac ataaagggga aacaaggcaal860
acacatttta tatggctgca gtgagctttt taatgctaca cagttcataa aacagttgtc1920
15 acaacttgga caaaagtaac acagaagaac cttactatga taatctactt ggaatgtgga1980
taaatgtaaa aagaagaaaa gttagaagag caatatgttt ccttctctgt aacagtgtcc2040
taacagtga aatcagagtt atttgtaaat ttttaaggaa attatatact taatatgtat2100
tgattaaaag aaacatttca gaaataaaat ttcaacattg taaaaaaaaa gtcgggtacc2160
tacacggata atatcgc 2177
20

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 402 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

```

45 ggcgccaggcc ccagccagct caggctacac tatcccagga tcagcatggc cgtccgccag 60
tggttaatcg ccctggcctt ggctgccttc cttgttgttg acagggaggt gccagtggca120
gcaggaaaag tccctttctc aagaatgccc atctgtgaac acatggtaga gtctccaacc180
tggtcccaaga tgtccaacct ggtctgcggc actgatgggc tcacatatac gaatgaatgc240
50 cagctctgct tggcccgat aaaaacaaa caggacatcc agatcatgaa agatggcaaa300
tgctgatccc acaggagcac ctcaagccat gaagtgtcag ctggagaaca gtggtgggca360
tgagaggat atgacatgaa ataaaagatc cagcccaact ga 402

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1349 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

cttcttttgc catcccatTT ccttggcact gcaccatttc cccaattatt ggccaatccc 60
taggctttct gggttttaca atgggttgca ccacaatcag gctcatagat ggctccaatt 120
25 taaaaaaaaaa ggtaatggtg atggataaaa taagcagatc aagggaagtg tgctatcata 180
aaataactgt agcttcaaca tcttgagtac cagtttcctg gcagatagta aacatccaat 240
cacaagggat ttttcctgaa ggggtgaaag ctggtttgaa aattcttcag tcacagagca 300
gcctacacat gccaataga aactgacaga cactagatgt gcttggaaga ttaaacacta 360
cgtacagaaa cagcagttac taagctcctc agtagtttct tgtctttttt aagtttcgct 420
30 gaatcgacag tttgcacaac gtgctatatt ctgtgggtca aaaccaagta aatactgtgt 480
aaagtggca gatttttcca gctaagatca agaaaaaaca aattttctga taaaacaggt 540
ttagagtcag aaacactctc taaagtgcac aactgatggt ccacgatctc aaatagctaa 600
aactcctgca gaatggaagg gagagacgtg aaacagggaa ataaattaca gtcagtgcata 660
gttaatttag gaaaaggga aaataaacca aactcaagtc ggtaaagtgt atcaaaatat 720
35 tcaatgatgt agctttcccc actctctgtc acacacgctt gctaacaagt atattaaatt 780
aaggccaaat ttaacctgaa tgcgtttttt tttttctttt tattaagatc tgagatagga 840
acggtcatalc ttagtactga aaggcagaca ataaaatggg ccatgaaagg ggggggaaag 900
gtactgtcta ttgttcgagg gattcaacca gagataaaac ctatatacaa gcatgtgtgt 960
agctcgaaat aaaaaataaaa ggactatttc atgtcatgac tgcctgtgtg cttcctctctc1020
40 atatgattc cctgtgccat tctgtacata ggatgaacca gaaccaaggc catacaaatg1080
accacaatat ttggcatcat caatatgatc ttcaaagaac atttctctca ttttgaaaaa1140
ggccattcct gtgagcaatg aatcagatcc tgcctgatgt tgtggtccta tccgttcag1200
ctctaactgt tctgccacct cctgtaatcc acctttgaga tttttcctgt catttatgat1260
gtgaagtacc tcatgaagag ctgcaaaaat ctctaactgt tctgccacct cctgtaattg1320
45 cgagtcagtg attgacgaaa taatagtgc                                     1349

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3552 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

15

```
atttaatctt cattcttcta ctatccccaa tcctaatttc aatatcaaac ctaattaaac 60
acatcaactt cccactgtac accaccacat caatcaaatt ctcccttcatt attagcctct 120
tacccttatt aatatttttc cacaataata tagaatatat aattacaacc tggcactgag 180
tcaccataaa ttcaatagaa cttaaaataa gcttcaaaac tgactttttc tctatcctgt 240
20 ttacatctgt agcccttttt gtcacatgat caattataca attctcttca tgatatatac 300
actcagacc aaacatcaat cgattcatta aatatcttac actattcctg attaccatgc 360
ttatcctcac ctcagccaac aacatatttc aacttttcat tggctgagaa ggggtgggaa 420
ttatatcttt cctactaatt ggatgatggg acggacgaac agacgcaaat actgcagccc 480
tacaagcaat cctctataac cgcacgggag acatcggatt catttttagct atagtttgat 540
25 tttccctaaa cataaactca tgagaacttc aacagattat attctccaac aacaacgaca 600
atctaattcc acttataggc ctattaatcg cagctacagg aaaatcagca caatttggcc 660
tccaccatg actaccatca gcaatagaag gcctacacc agtttcagca ctactact 720
caagtacaat agtagttgca ggaattttcc tactgggccg attccacccc ctcacgacta 780
ataataactt tattttaaca actatacttt gcctcggagc cctaaccaca ttatttacag 840
30 ctatttgtgc tctcacccaa aacgacatca aaaaaatcat tgcttctctt acatcaagcc 900
aactaggcct gataatagtg acgctaggaa taaaccaacc acacctagca ttcctacaca 960
tctgtaccca cgcattcttc aaagctatac tctttatatg ctctggctca atcattcatal1020
gcctggcaga cgaacaagac atccgaaaaa taggaaacat caaaaaatc ataccattcal1080
catcatcatg cctagtaatc ggaagcctcg ccctcacagg aataccattc ctaacagggt1140
35 tctactcaaa agacctaatt attgaagcaa ttaatacctg caacaccaac gcctgagccc1200
tactaattac actaatcgcc acttctataa cagctatgta cagcatacga atcatttact1260
tcgtaacaat aacaaaaccg cgttttcccc ccctaattct cattaacgaa aatgacccag1320
acctcataaa cccaatcaaa cgcttagcat tcggaagcat ctttgaggga tttgtcatct1380
catataatat tccaccaacc agcattccag tcctcacaat accatgattt ttaaaaaccal1440
40 cagccctaatt tatttcagta ttaggattcc taatcgact agaactaaac aacctaaacal1500
taaaactatc aataaataaa gcaaatccat attcatcctt ctcaacttta ctgggggttt1560
tcccatctat tattcaccgc attacacca taaaatctct caacctaacg ctaaaaacat1620
ccctaactct cctagacttg atctggttag aaaaaacccat cccaaaatcc acctcaactc1680
ttcacacaaa cataaccact ttaacaacca accaaaaagg cttaattaaa ttgtacttta1740
45 tatcattcct aattaacatc atcttaatta ttatcttata ctcaattaat ctcgagtaat1800
ctcgataata ataaaaatc cgcgaaacaa agatcaccca gctactacca tcattcaagt1860
agcacacta tatattgccg ctaccccaat ccctccttcc aacataactc caacatcatc1920
aacctcatal atcaaccaat ctcccaaac atcaagatta attactccaa cttcatcata1980
ataattaagc acacaaatta aaaaaacctc tataatcacc cccaatacta aaaaacccaa2040
50 aattaatcag ttagatcccc aagtctcttg atattcctca gtagctatag cagtcgtata2100
tccaaacaca accaacaatc cccctaaata aattaaaaaa actattaaac ctaaaaacga2160
tccaccaaac cctaaaacca ctaaaacacc aacaaaccca ctaacaatta aacctaaacc2220
tccataaata ggtgaaggct ttaatgctaa ccaagacaa ccaacaaaaa ataatgaact2280
taaaacaaaa atataattat tcattatttc tacacagcat tcaactgcga ccaatgacat2340
55 gaaaaatcat cgttgtaatt caactacaga aacaccattc ggatccatga aaaacacacc2400
cattatttaa aattattaac cactcattca ttgacctacc tgcccatcc aacatttcat2460
catgatgaaa ctttgggtcc cttctaggag tctgcctaag agtccaaatc attacaggtc2520
tttcttagc catacactac acatcacaga caataacagc cttttcatca gtaaacacac2580
tttgtcgaga cgtaaatcac ggggtgactaa tccgatatat acacgcaaac ggagcctcaa2640
```

```

tatttttttat ttgcttattc cttcatgtcg gacgaggctt atattatgga tcatatacat2700
ttatagaaac ctgaaacatt ggagtacttc tactgttcgc agtcatagcc acagcattta2760
taggctacgt ccttccatga ggacaaatat cattctgagg tgccacagtt attacaaacc2820
tcctatcagc catcccatat attggaacaa ccctagtcga atgaatttga gggggcttct2880
5 cagtagacaa agccaccttg acccgattct tcgctttcca cttcatctta ccatttatta2940
tcgcggccct agcaatcggt cacctcctct tectccacga aacaggatca aacaacccaa3000
caggattaaa ctcagatgca gataaaattc catttcaccc ctactataca atcaaagata3060
tcctaggtat cctaatacata ttcttaattc tcataaccct agtattattt ttcccagaca3120
tactaggaga cccagacaac tacataccag ctaatccact aaacacccca ccccatatta3180
10 aaccogaatg atatttccta tttgcatacg ccattctacg ctcaatcccc aataaactag3240
gagggtgtcct agccttaatc ttatctatcc taatttttagc cctaatacct ttctttcata3300
cctcaaagca acgaagccta atattccgcc caatcacaca aattttgtac tgaatcctag3360
tagccaacct acttatctta acctgaattg ggggccaacc agtagaacac ccatttatta3420
tcattggcca actagcctcc atctcatact tctcaatcat cttaattctt ataccaatct3480
15 caggaattat cgaagacaaa atactaaaat tatatccata aaaaaaaac acgatcgggt3540
gacatatagg gc 3552

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 601 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

```

tttttttttt tttttttttt tgcaattcaa atgaacgttt attttctaaa cccacacaga 60
gtaagggcag agcttagaga tgcctggcac agcatttctc atccaggatc acttcctcgt120
tctttcttct ttgctgggag catcttagat ttatatcatt ttctacaaag acaatatcct180
45 gaatgacagt cgcaggttta tttcaaagt ggagtcttct caggaagtag gggagactgg240
attcccagct aatggaattt tcaactgtgat gtctgtgttc tcagtgaatt cttccagaaa300
gccggaggag actgtctcaa catcagtaga gaactcagaa ttctgtttgt ttgcggtcgg360
cgtgaagtcc atgatctgct cagagtcagt gcttaaatca tcatctgtat aatcctctag420
aggagctttt gtccctctgt atgatcccag ttggtcaaag actgagttta gtaggtcaat480
50 gattgaattc tgtagttctt tattgattga aactaattct gacaggggga aagccacagt540
cagaccacag aagacagtga tcaccaggac cttgaaaagc atcatgcttt agtaggggta600
a 601

```

55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2147 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

```

25  agaaggggaa caaaaaaaaa aatatctgaa ttttgaaaa ccacaaagct acaacactga 60
    ccctctcttt tttttgagac ggagttttgc tcttggtacc caggctggag tgcagtggcg 120
    tgatcttggc tcactgcaac ttccgtctcc cgggttcaag tgattctcct gcctcagcct 180
    cccaagtagc tgggtttata ggtgccgcc accagaccg gctaattttt tagtttttagt 240
    agagacgggg tttcaccacg ttggccaggc tggctctaaa tgaccctctt atttttaact 300
    tggatacctg ctattctgcc aaaagacaat ttctagagta gttttgaatg gggttgatttc 360
30  cccactctcc acaaaactctg aagccagtgt ctgacttact aaaaaagag ttgtatataa 420
    tatttaagat gctgagattt tcataggaaa gctgaatgct gctgtaaagt gctctttaag 480
    tctttttttt ttttaatccc cttctaatag atgaaactag gggaatttca ggggacagag 540
    atgggatttg ttgtatgata aactgtatgt agtttttagt ctttctgttt tgagaagcag 600
    tgggtggggc atttttaaga tggctggcta ctcttgtttt ccctcatgat aataaatttg 660
35  tcataactca gtaacatgaa cttgcccta gaggtagttg ttaataattt tgaaatatta 720
    aggtcttgcc aagcttctga tgattcacac ctgtactact gattattaag caggacagac 780
    tgagctttct gttgcaaata ccttgaggga gaaagtaatt tctaaatata cagagaggta 840
    acttgactat atatgttgca tctgtgctc cccttcata taatatttga taaagatttt 900
    aattttatga aaacttctaa agcagaatca aagctcctct tggggaaatg gcaagctttt 960
40  aggataggca agaccctgta tgaatagtag caaagcatta ccgcatggta gagaacacac 1020
    tcgattaaaa atgttaagct atctgaaaaa taaaatgtgc aagtcttcag gatggcacaal 1080
    aacaaagggt aatgcttctt ggggcacatt tcttagaggg ctgctgagt gtgtaaatat 1140
    aatcgacttt tgtttgtgtt acatgacttc tgtgacttca ttgaaaatct gcacaattca 1200
    gtttcagctc tggattactt cagttgacct ttgtgaaggt ttttatctgt gtagaatggg 1260
45  tgtttgactt gttttagcct attaaaattt tattttcttt cactctgtat taaaagtaaa 1320
    acttactaaa agaaaagagg tttgtgttca cattaaatgg ttttggtttg gcttctttta 1380
    gtcaggcttt ctgaacattg agatatcctg aacttagagc tcttcaatcc taagattttc 1440
    atgaaaagcc tctcacttga acccaacca gactactctt actgcctctt ttctaaatgt 1500
    tcaggaaaag cattgccagt tcagctcttt caaaatgagg gagaaacatt tgcctgcctt 1560
50  gtaataacaa gactcagtgc ttatttttta aactgcattt taaaaatttg atagtataat 1620
    aacaataagg agtaagccac cttttatagg caccctgtag ttttatagtt cttaatctaa 1680
    acattttata tttccttctt ttggaaaaaa cctacatgct acaagccacc atatgcacag 1740
    actatacagt gagttgagtt ggctctccca cagtctttga ggtgaattac aaaagtccag 1800
    ccattatcat cctcctgagt tatttgaaat gatttttttt gtacattttg gctgcagtat 1860
55  tgggtgtaga atatactata atatggatca tctctacttc tgtattttatt tatttattac 1920
    tagacctcaa ccacagtctt ctttttcccc ttccacctct ctttgccctg aggatgtact 1980
    gtatgtagtc atgcactttg tattaatata ttagaatctt acagatctgt tttgtacttt 2040

```


ttatactggtt ggatacttat aatcaaaact tttactaggg tattgaataa atctagtctt2100
 actagaaaat aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa ctcaagacta gttctct 2147

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 623 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

30 cccacgcgtc cccggaacg gcggcgccg cgacaggacc gaggggcctt agttggtggg 60
 caagtcgggg atcccagaaa gagaagcgtg acccggaagc ggaaacgggt gtccgtccca120
 gtcgggcct gccagtgagc ttctaccatc atggacctat tggtcgggcg ccggaagacg180
 ccagaggagc tactgcggca gaaccagagg gccctgaacc gtgccatgcg ggagctggac240
 cgcgagcgac agaaactaga gacccaggag aagaaaatca ttgcagacat taagaagatg300
 gccaaagcaag gccagatgga tgctgttcgc atcatggcaa aagacttggt gcgcacccgg360
 35 cgctatgtgc gcaagtttgt attgatgcgg gccaacatcc aggctgtgtc cctcaagatc420
 cagacactca agtccaacaa ctccatggca caagccatga aggtgtcac caaggccatg480
 ggcacccatga acagacagct gaagttgccc cagatccaga agatcatgat ggagtttgag540
 cggcaggcag agatcatgga tatgaaggag gagaggattg aattgttgca tttgatgatc600
 ccgtgggttt tggggaagtt tta 623

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 781 Basenpaare

45 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

```

gcgggtatat tgcaagcttg aaaaactaaa agatctgtga aagatgctgc caagaagggc 60
cagaaggatg tctgcatagt tctggccaag gagatgatca ggtcaaggaa ggctgtgagc 120
aagctgtatg catccaaagc acacatgaac tcagtgtcga tggggatgaa gaaccagctc 180
15 gcggtcttgc gagtggctgg ttccctgcag aagagcacag aagtgtatgaa ggccatgcaa 240
agtcttgtga agattccaga gattcaggcc accatgaggg agttgtccaa agaaatgatg 300
aaggctggga tcatagagga gatgttagag gacacttttg aaagcatgga cgatcaggaa 360
gaaatggagg aagaagcaga aatggaaatt gacagaattc tctttgaaat tacagcaggg 420
gccttgggca aagcacccag taaagtgact gatgcccttc cagagccaga acctccagga 480
20 gcgatggctg cctcagagga tgagggggag gaggaagagg ctctggaggc catgcagtcc 540
cggctggcca cactccgcag ctaggggctg cctaccccgc tgggtgtgca cacactcctc 600
tcaagagctg ccattttatg tgtctcttgc actacacctc tggtgtgagg actaccattt 660
tggagaaggt tctgtttgtc tcttttcatt ctctgccag gttttgggat cgcaaagga 720
25 ttgttcttat aaaagtggca taaataaatg catcattttt aggaaaaaaa aaaaaaaaaa 781
a

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 1714 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

50

```

gttgcgacat gcagtgcgcc ggaggaactg tgctctttga ggccgacgct aggggcccgg 60
aagggaaact gcgaggcgaa ggtgaccggg gaccgagcat ttcagatctg ctcggttagac 120
ctggtgcacc accaccatgt tggctgcaag gctggtgtgt ctccggacac taccttctag 180
ggttttccac ccagctttca ccaaggcctc ccctgttgtg aagaattcca tcacgaagaa 240

```

```

tcaatggctg ttaacaccta gcagggaata tgccaccaaa acaagaattg ggatccggcg 300
tgggagaact ggccaagaac tcaaagaggc agcattggaa ccatcgatgg aaaaaatatt 360
taaaaattgat cagatgggaa gatggtttgt tgctggaggg gctgctgttg gtcttggagc 420
attgtgtctac tatggcttgg gactgtctaa tgagattgga gctattgaaa aggctgtaat 480
5 ttggcctcag tatgtcaagg atagaattca ttccacctat atgtacttag caggagat 540
tggtttaaca gctttgtctg ccatagcaat cagcagaacg cctgttctca tgaacttcat 600
gatgagaggc tcttgggtga caattgggtg gacctttgca gccatgggtg gagctggaat 660
gctgggtacga tcaataccat atgaccagag cccaggccca aagcatcttg cttggttgct 720
acattctcgtt gtgatgggtg cagtgggtgc tctctgaca atattagggg gtctcttct 780
10 catcagagct gcatggtaca cagctggcat tgtgggaggc ctctccactg tggccatgtg 840
tgcgcccgat gaaaagtctt tgaacatggg tgcaccctg ggagtgggcc tgggtctcgt 900
ctttgtgtcc tcattgggat ctatgtttct tccacctacc accgtggctg gtgccactct 960
ttactcagtg gcaatgtacg gtggattagt tcttttcagc atgttccttc tgtatgatac1020
ccagaaagta atcaagcgtg cagaagtatc accaatgtat ggagttcaaa aatatgatcc1080
15 cattaactcg atgctgagta tctacatgga tacattaaat atatttatgc gagttgcaac1140
tatgctggca actggaggca acagaaagaa atgaagtgc tcagcttctg gcttctctgc1200
tacatcaaat atcttgttta atggggcaga tatgcattaa atagtttgta caagcagctt1260
tcgttgaagt ttagaagata agaacaatgt catcatattt aaatgttccg gtaatgtgat1320
gcctcaggtc tgcctttttt tctggagaat aaatgcagta atcctctccc aaataagcac1380
20 acacattttc aattctcatg tttgagtgtat tttaaaatgt tttggtgaat gtgaaaacta1440
aagtttgtgt catgagaatg taagtctttt ttctacttta aaatttagta ggttccactga1500
gtaactaaaa tttagcaaac ctgtgtttgc atattttttt ggagtgcaga atattgtaat1560
taatgtcata agtgatttgg agctttggta aagggaccag agagaaggag tcacctgcag1620
tcttttgttt ttttaataac ttagggaactt agcacctggg gttatttgga ttaggtgagg1680
25 gagcccggta ggaacagccg ggtattgggg aaca 1714

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 30 (A) LÄNGE: 831 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:
- 50 caccceccagc ccctgctctg aggcaccgag aaacgaggag gcccggtggcg agtctccacg 60
tggggtaccgg cgctctcggc gcccgtagcc acccgcccg cggaaagccga catctcgagt120
tctggcagaa gcaatttgcg cggcgaggag cggacgggca ggaacccaat aagctgcttc180
gcctcggagc tgaagcccgt actcaagatg gcggtccgg gcgggcgttg ccagtgacta240
55 gaaggcgagg cgccgcggga ccatggcggc ggcgccggac gagcggagtc cagagggacgg300
agaagacgag gaagaggagg agcagttggt tctggtggaa ttatcaggaa ttattgattc360

```

agacttcctc tcaaaatgtg aaaataaatg caaggttttg ggcattgaca ctgagaggcc420
cattctgcaa gtggacagct gtgtctttgc tggggagtat gaagacactc tagggacctg480
tggttatatt gaagaaaatg ttgaacatgc tgatacagaa ggcaataata aaacagtgtc540
5   aaaatataaa tgccatacaa tgaagaagct cagcatgaca agaactctcc tgacagagaa600
   gaaggaagga gaagaaaaca taggtgggtt ggaatggctg caaataaagg ataatgattt660
   ctccatcgca cccaacatga tttgtaactt tctacatgaa aatgaagacg aagaagtgg720
   agcttcagcc ccagataaat ctttggaatt ggaagaggaa gagattcaaa tgaaccaccg780
   gtccaaaccg gggtttggtg aaccggggga acccattgcg ccttgggaat t      831

```

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 744 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

```

tgaagttcta agagctttcc aagtttggga aggtgtccgg gttttctgcg attacttctc 60
35 tgagcatgaa cggaaagtcac cctttgtgcc ttatgcggtg attttaatga taggtgtcat120
   atataggacg gagtaatctg ttacattctt gttcttctcg atgcactcac aagcgggtaa180
   ctaggtgaca agaaaacaaa gatcttattc aaaagaggtc ttacagcaac ccaacgtctc240
   atcttcccat agtaaagatg acggcgccct gaggttaagct acaggcaaca ccacttccgc300
   gtttctcttg cgccctgggt caagatggcg gatgaagcca cgcgacgtgt tgtgtctgag360
40 atcccgggtg tgaagactaa cgccggagcc cgagatcgtg agttgtgggt gcagcgactg420
   aaggaggaat atcagtccct tatccggtat gtggagaaca acaagaatgc tgacaacgat480
   tggttccgac tggagtccaa caaggaaagga actcgggtgg ttggaaaatg ctggtatatc540
   catgacctcc tgaaatatga gtttgacatc gagtttgaca ttcttatcac atatcctact600
   actgccccag aaattgcagt tcctgagctg gatggaaaga cagcaaagat gtacaggtag660
45 gactgaatag gagatggcaa agagtcaaag aaagccttaa ggaagaactt cgtggcgagg720
   gggagagcat caggaagagt agct      744

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2017 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```

tgcgacccga ggcgccgagc aagatggcgg cgcgagtgct gcgcgccgcg ggagggcgctg 60
ggccggcgcc ctctgcagc gggcgcccc ctgcagcctc ctgcccaggc tccggacatg 120
20 gacatcttcc agcaacagat ctcgagaaga cagctggcta aaatccttat ttgtccggaa 180
agttgatcca agaaaagatg cccactccaa tctcctagcc aaaaaggaaa caagcaatct 240
atacaaatca cagtttcaca atgttaaacc ggaatgccta gaagcataca acaaaatttg 300
tcaagagggtg ttgccaaaga ttcacgaaga taaacactac ccttgactt ttggtggggac 360
ttggaacacg tggatggcg agcaggacca agctgtccac ctctggagggt atgaaggagg 420
25 ctatccagcc ctcacagaag tcatgaataa actcagagaa aataaggaat ttttggaatt 480
tcgtaaggca agaagtgaca tgcttctctc caggaagaat cagctcctgt tggagttcag 540
tttctggaat gagcctgtgc caagatccgg acctaatata tatgaactca ggtcttacc 600
actccgacca ggaaccatga ttgaatgggg caattactgg gctcgtgcaa tccgcttcag 660
acagatgggt aacgaagccg tcggaggatt cttctctcag attgggcagc tgtacatggt 720
30 gcaccatctt tgggcttaca gggatcttca gaccagggaa gacatacgga atgcagcatg 780
gcacaaacat ggctgggagg aattggtata ttacacagtt ccacttattc aggaaatgga 840
atccagaatc atgatccac tgaagacctc gccctccag taaagctgta gagtctctat 900
gtgcctacat acatttctgt gacaagtatt tgcgtgaaat taattttaat tgtgtatcaa 960
gtgaaaaaga aacactgagg ttttaagctg ctgtatatag cttgtgagaa acctcttttc 1020
35 tttaaaattt acataatcac aagaaaggaa agaattacag ttggactgat tgtgacagt 1080
ccttgtcgtc ctctttgaaa cccccgtgt tgtccagtat acctataac acttagccac 1140
ttctccccc cctccagaag ggggtccaggt tgaattctga atcatcttga aaataagatt 1200
ccaaccaca aaaaaattta gccatttctt tactaaaaaa aacaaaaaaa caaatctgtt 1260
ttataatcac agatttttag acaaatttct tgtatcagga agaaatacaa attttgtcat 1320
40 gtttctcaag cagtttttct gagtagttc tgaggaggaa caaattaca gtgtacccaal 1380
taactgaaaa tgttttaact cactctcatt tgtaagcagt ccacatagta gacaatgggt 1440
tttccaagct gggcaaggta catttaatca gtaaatcagt ttcacatcat gtattgtgat 1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatgggt tgaaacttgt gtatcatatg tgattttgaa 1560
atgaacacct tgaatagcac taatttttat ttgtggtatt tttctataac aaaacaagta 1620
45 gctctaggaa aagaggtttt attttgtaaa cgatcatttg tgacctcaga cactctctgg 1680
ctaataattt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtggtgcat 1740
gttgagattt aaattggcat aaagctgcat actttttgtc tagctgtttg atttcatttt 1800
ttaatatagt atgccaattt tgtgactgtt accatgtgaa agtctgttg aaatgaacaa 1860
ttgtctgccc cacaatcaag aatgtatgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaatgt 1920
50 caaactttta catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctctt 1980
aatttcacaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 2017
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 856 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

20

```

cgcagtgcgc aggcgtgggg ctctctcctt gtcagtcggc gccgcgtgcg ggctgggtggc 60
tctgtggcag cggcggcggc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcgl20
cgccgcgccc ttctccctgg agtaccgagt ctctctcaaa aatgagaaag gacaatatat180
atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggat gtgtttcaca tggtagttga240
25 agtaccacgc tggctaatg caaaaatgga gattgctaca aaggaccctt taaaccctat300
taaacaagat gtgaaaaaag gaaaacttcg ctatgttgcg aatttgttcc cgtataaagg360
atatactctg aactatggtg ccacccctca gacttgggaa gaccagggc acaatgataa420
acatactggc tgttggtggtg acaatgacct aattgatgtg tgtgaaattg gaagcaagg480
atgtgcaaga ggtgaaataa ttggcgtgaa agttctaggc atattggcta tgattgacga540
30 aggggaaacc gactggaaag tcattgccat taatgtggat gatcctgatg cagccaatta600
taatgatatc aatgatgtca aacggctgaa acctggctac ttagaagcta ctgtggactg660
gtttagaagg tataagggttc ctgatggaaa accagaaaat gagtttgcgt ttaatgcaga720
atttaaagat aaggactttg ccattgatat tattaanaag actcatgacc attggaaagc780
attagtgact aagaaaacga atgggaaaag gatcatgttg attgttcaac ttttcgttgg840
35 gccctcaaaa gtgtgc                                     856
  
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 540 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

gcatagacaa agggcctcag aatcgcgcag gcgcaattgt gccctgggtc gccaaagatgt 60
 cgttcccaaa gtataagccg tcgagcctgc gcactctgcc tgagaccctc gaccagccg120
 10 aatacaacat atctccggaa acccgggcgg cgcaagcgag cggttgccca taagagccca180
 gctgaaacga gactacctgc ttcagtacaa cgatcccaac cgccgagggc tcatcgaaaa240
 tectgccttg cttcggttgg cctatgcaag aacaataaat gtctatccta atttcagacc300
 cactcctaaa aactcactca tgggagctct gtgtggattt gggcccctca tcttcattta360
 ttatattatc aaaactgaga gggataggaa agaaaaactt atccaggaag gaaaattgga420
 15 tcgaacattt cacctctcat attaatgctg gcaatgatga ctatatgtat tcctgcctaa480
 ataatcatc tattaatcat taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagtcg540

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1912 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

tgtgtgaggc ccaacagcgg aatcatcgat gcaggggcct gaattaatgt atctgtgatg 60
 ttacagcctt tcgattatga tcccaatgag aaaagtaaac acaggttatg gtctcagtcta 120
 tgtttgctcc aactgacact tcagatatgg aagcagtatg gaaggaggca aaaccggaag 180
 45 accttatgga ttcaaaaactt agatgtgtgt ttgaattgcc agcagagaat gataaaccac 240
 atgatgtaga aataaataaa attatatcca caactgcac aaagacagaa acaccaatag 300
 tgtctaagtc tctgagttct tctttggatg acaccgaagt taagaagggt atggaagaat 360
 gtaagaggct gcaaggtgaa gttcagaggc tacgggagga gaacaagcag ttcaagggaag 420
 aagatggact gcggatgagg aagacagtgc agagcaacag cccatttca gcattagccc 480
 50 caactgggaa ggaagaaggc cttagcaccg ggctcttggt tctggtggtt ttgttcttta 540
 tcgttggtgt aattattggg aagattgcct tgtagaggta gcatgcacag gatggtaaat 600
 tggattgggt gatccaccat atcatgggat tttaatttat cataaccatg tgtaaaaaga 660
 aattaatgta tgatgacatc tcacaggctc tgcctttaa ttaccctcc ctgcacacac 720
 atacacagat acacacacac aaatataatg taacgatctt ttagaaagt aaaaatgtat 780

```

5   agtaactgat  tgagggggaa  aagaatgata  tttattaatg  acaagggaaa  ccatgagtaa  840
    tgccacaatg  gcatattgta  aatgtcattt  taaacattgg  taggccttgg  tacatgatgc  900
    tggattacct  ctcttaaaat  gacacccttc  ctgcctgtgt  ggtgctggcc  cttggggagc  960
    tggagcccag  catgctgggg  agtgcgggtc  gctccacaca  gtagtcccca  cgtggcccac  1020
10  tcccggccca  ggctgctttc  cgtgtcttca  gttctgtcca  agccatcagc  tccttgggac  1080
    tgatgaacag  agtcagaagc  ccaaaggaa  tgcactgtgg  cagcatcaga  cgtactcgtc  1140
    ataagtgaga  ggcgtgtgtt  gactgattga  cccagcgctt  tggaaataaa  tggcagtgtt  1200
    ttgttcactt  aaagggacca  agctaaattt  gtattgggtt  atgtagttaa  gtcaaactgt  1260
    tattcagaga  tgtttaatgc  atatttaact  tatttaattg  atttcattct  atgttttctt  1320
15  attgtcacia  gagtacagtt  aatgctgcgt  gctgctgaac  tctgttgggt  gaactggtat  1380
    tgcgtgctga  gggctgtggg  ctctctgttc  tctggagagt  ctggtcatgt  ggaggtgggg  1440
    tttattggga  tgctggagaa  gagctgccag  gaagtgtttt  ttctgggtca  gtaaaataca  1500
    actgtcatag  ggagggaaat  tctcagtagt  gacagtcaac  tctaggttac  cttttttaat  1560
    gaagagtagt  cagtcttcta  gattgttctt  ataccacctc  tcaaccatta  ctcacacttc  1620
20  cagcgcccag  gtccaagtct  gagcctgacc  tccccttggg  gacctagcct  ggagtcagga  1680
    caaatggatc  gggctgcaga  gggttagaag  cgagggcacc  agcagtgtgt  ggtggggagc  1740
    aaggggaagag  agaaactctt  cagcgaatcc  ttctagtact  agttgagagt  ttgactgtga  1800
    attaatTTTA  tgccataaaa  gaccaacca  gttctgtttg  actatgtagc  atcttgaaaa  1860
    gaaaaattat  aataaagccc  caaaattaag  aaaaaaaaaa  aaaaaatact  gc           1912

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 1962 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:
- 45 tttttttttt ttttatcgag caagaatctg ttaacagttt tatttttttt tatgtttaa 60
accatgggac aggattgtaa ggatgaaaaa ctcagtcaac aactgcctca caagggataa 120
gaaaaattct gccatgatat tagcaaaagg aaaggaggaa aaatttacac tgtaagaggc 180
accatttccc caaggaatac ctcttggcat ttcttgaatg agtgggatta gcaatctaaa 240
50 taaatcatat ttcaagaggt aacagcaaca gataaaattt aaagggatta ttaaaataac 300
atttacaaga ctctgaacaa ttctgaactt ctatttaaaa ccacaaagaa agaacaattc 360
tttatttatg aatttcataa aggactcaat gtgcaactga catctgctag tgatgatctg 420
gtaatataca acctgtccag tagccgaaca gtttgttttt attgtgtttt ctaaccgtaa 480
gagatcatta aaggcaaaag ctatatgacg ctgtacacac aaaaaaatgg tcaccgtggg 540
55 ccatactacc aatgaaatgg taggtaaaaca aatctttttt tggtaagag aaaaaaaaaa 600
aaaagaaaca gcactctgca tgcttctctc tacaagatga atttccctag aaagaatcca 660


```

atgaaaatgg ctgcaattac aacaagaagt gaaggaagag gactggtgac attatctctg 720
aaggatgcag ttgaggttga tccaggttta tccgaatgtg ctacctttct gagccttaaa 780
ccttcacatc tcaggtgccg attttcttct gatagcttca tcatctctcc ctgaagtctt 840
5 ttacactctt ccattagttt ccttgtttcg gtatcattaa gtgaaacact gtgtggtttt 900
ggcataggtc catcttgctt agatgcattc agtggaaacag ctttgctagg ttccatatca 960
ttcaatttat cattttcatt gggcatttca aatacgcac tcaatttga atccattaat1020
tcacaggtt ttgctctttt ccacacagct tccatatctg aagtgtttgg tggagcaaaa1080
attgtctgta ccataaactt gtgtttactc ttttcattcg gatcatagtc aaagggtgtt1140
agcattactg aaacagtcac agttgaccct ggggtcaataa ttccactgtt gggcctcac1200
10 cagtaccggc gaggtgctgt agtcttactt ttgaaacaca cttttctatc cgatggattt1260
cgcaatttaa gatttgtagt gactacatct gtgaaggggc ctttgaattt gaggtctgtg1320
ggcggatcga ggaccaggat ctgctcgtct tcgccatggc cctgaggcg gacgccatcg1380
gagagacagc gcagagcagg gggcggttgc ctgcgtggg gcgggggacg atggcgagag1440
gggaggggga gcgagttcgc atctctcctt ttcttggtta gactctgttc aaccacattc1500
15 ttatgttggc agatctgctt ccagattgat ttttagagca ccatcacttt cacattcctg1560
attctgattt tgttttgtt tgtttgggtt ttctgaaact taaaatgctg ccccgaaaat1620
actatatttt tgagtttgtg ttctgaaagc ctccgtgctg ctggatcttt ggggggaaat1680
acaggatcct tcagcactga ggtgtttaag atttgcaact agcaatgcaa ttttttcta1740
atatggggat atttaccttt attaagaaat tatactaaac attgatgtcc ttgatcattt1800
20 tatgtctca tattactttt gattctacta tgattgtgtg gtggtgaaca aagatcatta1860
caaacaaaaa ctgtaatttt gttataattg attcaatgga atttacctaa aaaataaaga1920
ctaaaaatgt gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1962

```

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1458 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56:

```

cggtcgcagc gggtcgagat tcgaggtcgt ggtggtcttg gaagagcgtc gagggggccg 60
50 tggacgtgga atgggcccag gagatggatt tgattctcgt ggcaaactg aatttgatag 120
gcatagtgga agtgatagat ctggcctgaa gcacgaggac aaactgtgag gtacgggac 180
tcacaactgg ggaactgtca aagacgaatt aacagagtc cccaataca ttcagaaaca 240
aatatcttat aattacagt acttgatca atcaaatgt actgaggaaa cacctgaagg 300
tgaagaacat catccagtgg cagacactga aaataaggag aatgaagttg aagaggtaaa 360
55 agaggagggt ccaaaagaga tgactttgga tgagtgaag gctattcaaa ataaggaccg 420
ggcaaaaagta gaatttaata tccgaaaacc aaatgaaggt gctgatgggc agtggagaaa 480

```

```

5  gggatttggt cttcataaat caaagagtga agaggctcat gctgaagatt cggttatgga 540
   ccatcatttc cggaagccag caaatgatata aacgtctcag ctggagatca attttgagaga 600
   ccttgccgcg ccaggacgtg gcggcagggg aggacgaggt ggacgtgggc gtggtgggcg 660
   cccaaaccgt ggcagcagga ccgacaagtc aagtgtctct gtcctgatg tggatgaccc 720
10 agaggcattc ccagctctgg cttaactgga tgccataaga caaccctggt tcctttgtga 780
   acccttctgt tcaaagcttt tgcattgctta aggattccaa acgactaaga aattaaaaaa 840
   aaaaagactg tcattcatac cattcacacc taaagactga attttatctg ttttaaaaaa 900
   gaacttctcc cgctacacag aagtaacaaa tatggtagtc agttttgtat ttagaaatgt 960
   attggtagca gggatgtttt cataattttc agagattatg cattcttcat gaatactttt 1020
10 gtattgtctg ttgcaaatat gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac 1080
   cagtttaaag ctttcacttc atttgtgttt ttttaattaag gatttagaag tcccccaat 1140
   taaaaactgg ttttaaatat tggacatact ggttttaata cctgctttgc atattcacac 1200
   atgggtcaact gggacatggt aaactttgat ttgtcaaatt ttatgctgtg tggaaatact 1260
   actatatgta ttttaactta gttttaatat tttcattttt ggggaaaaat cttttttcac 1320
15 ttctcatgat agctgttata tatatatgct aaatctttat atacagaaat atcagtactt 1380
   gaacaaattc aaaagcacat ttggtttatt aaccctgggc tgccctggca tggggcccat 1440
   ttgggtcca aattataa 1458

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2188 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

```

45  gggccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 60
   cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 120
   cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 180
   cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 240
   cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccctgaacc 300
   ccaaccctcc cccacccccc cccctacaag tcacctgggt aagccaacct gaattctact 360
   cacctgggcg tggaaagtat tatgacagaa tgcgacgagg aggtgatgga tatgatgggt 420
50  gttatggagg ttttgatgac tatggtggct ataataatta cggctatggg aatgatggct 480
   ttgatgacag aatgagagat ggaagaggta tgggaggaca tggctatggt ggagctgggt 540
   atgcaagttc aggttttcat ggtggtcatt tcgtacatat gagagggttg ccttttcgtg 600
   caactgaaaa tgacattgct aatttcttct caccactaaa tccaatacga gttcatattg 660
   atattggagc tgatggcaga gccacaggag aagcagatgt agagtgtgtg acacatgaag 720
55  atgcagtagc tgccatgtct aaagataaaa ataacatgca acatcgatat attgaactct 780
   tcttgaattc tactcctgga ggcggtctg gcatgggagg ttctggaatg ggaggctacg 840

```

```

gaagagatgg aatggataat cagggaggct atggatcagt tggagaatg ggaatgggga 900
acaattacag tggaggatat ggtactcctg atggtttggg tggttatggc cgtgggtggg 960
gaggcagtgagggttactat gggcaaggcg gcatgagtgagggtggatgg cgtgggatgt1020
actgaaaagcaaaaacaccaaatacaagtc ttgacaacag catctgggtct actagacttt1080
5 cttacagatt taatttcttt tgtattttaa gaactttata atgactgaag gaatgtgttt1140
tcaaaatatt atttggtaaa gcaacagatt gtgatgggaa aatgttttct gtaggtttat1200
ttgttgcatatactttgacttaaaaataaatt tttatattca aaccactgat gttgatactt1260
tttatatact agttactcctaaagatgtgc tgccttcata agatttgggt tgatgtattt1320
tactattagt tctacaagaa gtagtgtgggt gtaatttttag aggataatgg ttcacctctg1380
10 cgtaaactgc aagtcttaag cagacatctg gaataagct tgacaaataa ttagtgtaac1440
ttttttcttt agttcctcct ggacaacact gtaaatataa agcctaaaga tgaagtggct1500
tcaggagtat aaattcagct aattatttct atattattat ttttcaaatg tcatttatca1560
ggcatagctc tgaaacattg atgatctaag aggtattgat ttctgaatat tcataattgt1620
gttacctgggtatgatagatgt ttggaagctg aattctagcc ctagattttg gtagtaaac1680
15 ccttcagcac ttgaccgaaa taccaaaaat gtctccaaaa aattgatagt tgcagggtat1740
cgcaagatgt cttagagtag ggttaagggt ctcatgaca caagaattca gtattaagta1800
cataggtatt tactatggag tataattctc acaattgtat tttcagtttt ctgccaata1860
gagtttaaat aactgtataa atgatgactt taaaaaaatg taagcaacaa gtccatgtca1920
tagtcaataa aaacaatcct gcagttgggt tttgtatctg atccctgctt ggagttttag1980
20 tttaaagaat ctatatgtag caaggaaaag gtgcttttta attttaatcc cttgatcaa2040
tatggctttt ttccaaattg gctaattgga caaaatgaaa cctgttgatg tgaattcagt2100
tattgaactt gttacttggt tttgccagaa atgttattaa taaatgtcaa tgtgggagat2160
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa 2188

```

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1548 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

```

ctcgctagtt cgatcggtag cgggagcgga gagcggaccc cagagagccc tgagcagccc 60
caccgcgcgc gccggcctag ttaccatcac accccgggag gggccgcagc tgccgcagcc 120
ggccccagtc accatcaccc caaccatgag cagcagaggcc gagaccagc agccgcccgc 180
ggcccccccc gcggcccccc cctcagcgc cgccgacacc aagcccgga ctacgggcag 240
cggcgcaggg agcggtggcc cgggcggcct cacatcggcg gcgcctgccg gcggggacaa 300
55 gaaggtcatc gcaacgaagg ttttgggaac agtaaaatgg ttcaatgtaa ggaacggata 360
tggtttcatc aacaggaatg acaccaagga agatgtattt gtacaccaga ctgccataaa 420

```

```

gaagaataac cccaggaagt accttcgcag tgtaggagat ggagagactg tggagtttga 480
tggtgttgaa ggagaaaagg gtgcggaggc agcaaatgtt acaggtcctg gtggtgttcc 540
agttcaaggc agtaaatatg cagcagaccg taaccattat agacgctatc cacgtcgtag 600
gggtcctcca cgcaattacc agcaaaatta ccagaatagt gagagtgggg aaaagaacga 660
5 gggtatcggag agtgctcccc aaggccaggc ccaacaacgc cggccctacc gcaggcgaag 720
gttcccacct tactacatgc ggagacccta tgggcgtcga ccacagtatt ccaaccctcc 780
tgtgcaggga gaagtgatgg aggggtgctga caaccagggt gcaggagaac aaggtagacc 840
agtgcaggcag aatatgtatc ggggatatag accacgattc cgcaggggcc ctccctcgcca 900
aagacagcct agagaggacg gcaatgaaga agataaagaa aatcaaggag atgagacca 960
10 aggtcagcag ccacctcaac gtcggtaccg ccgcaacttc aattaccgac gcagacgccc1020
agaaaaccct aaaccacaag atggcaaaaga gacaaaagca gccgatccac cagctgagaa1080
ttcgtccgct cccgaggctg agcaggggcg ggctgagtaa atgccggctt accatctctall140
ccatcatccg gtttagtcat ccaacaagaa gaaatatgaa attccagcaa taagaaatga1200
acaaaagatt ggagctgaag acctaaagtg cttgcttttt gcccggtgac cagataaata1260
15 gaactatctg cattatctat gcagcatggg gtttttatta tttttacctt aagacgtctc1320
tttttggttaa taacaaacgt gttttttaaa aaagcctggg ttttctcaat acgccttta1380
aggtttttaa attgtttcat atctgggtcaa gttgagattt ttaagaactt cattttta1440
ttgtaataaa agttttacaac ttgatttttt caaaaaagtc aacaaactgc aagcacctgt1500
taataaagggt cttaataaat tgtctttgtg taaaaaaaaa gggaatat 1548

```

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1254 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

```

45 ggaccgcttc ccccagacca gcagcagcgt ttgacgtcat cgtgcgtgtg gtgcccctgc 60
tgccggggct ggtgattgga ggaaaccccg tgtctgacgg agggctgtag cctgtgagca 120
gcgagatcca gggacagagt ctgagcctcg ccgctgctgc cgccgcccgc gccagagac 180
tgctgagccc gtccgtccgc cgccaccacc cactccggac acagaacatc cagtcagtga 240
taaaaatgag ctggttcaga aggccaaact ggccgagcag gctgagcgat atgatgacat 300
50 ggcagcctgc atgaagtctg taactgagca aggagctgaa ttatccaatg aggagaggaa 360
tcttctctca gttgcttata aaaatgttgt aggagcccgt aggtcatctt ggagggtcgt 420
ctcaagtatt gaacaaaaga cggaagggtg tgagaaaaaa cagcagatgg ctcgagaata 480
cagagagaaa attgagacgg agctaagaga tatctgcaat gatgtactgt ctcttttggg 540
aaagtctctg atccccaatg cttcacaagc agagagccaa agtcttctat ttgaaaatga 600
55 aaggagatta ctaccgttac ttggctgagg ttgccgctgg tgatgacaag aaagggtattg 660
tcgatcagtc acaacaagca taccaagaag cttttgaaat cagcaaaaag gaaatgcaac 720

```

```

caacacatcc tatcagactg gggctggccc ttaacttctc tgggttctat tatgagattc 780
tgaactcccc cagagaaagc ctgctctctt gcaaagacag cttttgatga agccattgct 840
gaacttgata cattaagtga agagtcatac aaagacagca cgctaataat gcaattactg 900
agagacaact tgacattgtg gacatcggat acccaaggag acgaagctga agcaggagaa 960
5 ggaggggaaa attaacgggc cttccaactt ttgtctgcct cattctaaaa ttacacagt1020
agaccatttg tcatccatgc tgtccacaa atagtttttt gtttacgatt tatgacaggt1080
ttatgttact tctatttgaa tttctatatt ttccctgtgg gttttatgtt tagttttggg1140
ggagtaggag ccagtttaac gtttggggag ttgtctgtt ttctgtcttt gaggggaggc1200
ccagtatggg ggggtgttg gattttttgt taccagtttt tgaggtgttt ttgg 1254
10

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 954 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63:

```

cctcttcttt ttctttttct tctttttttt ttctttttt ttttttgta gagcagggtc 60
actttattgg tatagagact gcagagggac caggggcttt agctgttggc agctatggtg120
tccttaatcc agtccacata gttgtagacc ttggtgtaga ctccaggcct gttcttctgg180
gcacagccat agccccagga gacaattcct tggagctctc cattggagac cacaggggcca240
40 ccagaatcac cctggcagga atccttgccct ccctcgagga agcccacaca gaacatgttg300
ttggtaatct ttccagggtg ggaggcttca cactcagcct ggctcagcac aggagcatcc360
aggcactgca gctcgtctgg gtagtcggca ccagaactca gagtgttgcc ccagccggag420
atgagggact cggtgccagc agctggaggg gcagtgggca gagagatggc ggacacgcgg480
gaattgatga cggcaggtga ggagagcttg atcagcagga tgtcattgtc cagagtccgg540
45 ctgttgtatt tgggggtggc gatgatcttg gccgcattga tgaactgttc attccctcc600
aggacttcga tgttgtgtct tcccagtctc acctggatgc gggacttgta gcagtgcact660
gctgacacca cccactgttc gctgatggg agccaccgc agaagtggta gccagaattc720
aaggacacct ggtaggggac agaattctcc tcacagatgt agccccaac gatcttgtca780
tcatcatcaa agggggcagc aacagcagct gcaacaaagg taaggatcag aagtagattc840
50 atggtggtag agtgtgcctg attgctggtg gagaaccctt ctttatacct cccgaggatg900
gggagaggag gtgtctgtga ggtgagggtc actgtctctc ccagcacaaa caca 954

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2213 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65:

ggcggaccgc cggggggtcg aggcctgcct ctccgagagc tcctggcgcg gccgtcccgg 60
cccggggccc caggtgcgct tcccctagag agggattttc cgggtctcgtg ggcagaggaa 120
caaccaggaa cttggggctc agtctccacc ccacagtggg gcggatccgt cccggataag 180
25 acccgctgtc tggccctgag tagggtgtga cctccgcagc cgcagaggag gagcgagcc 240
ggcctcgaag aacttctgct tgggtggctg aactctgac ttgacctaga gtcattggcca 300
tggcaaccaa aggaggtact gtcaaagctg ctccaggatt caatgccatg gaagatgcc 360
agaccctgag gaaggccatg aaagggtcg gcaccgatga agacgccatt attagcgtcc 420
ttgcctaccg caacaccgcc cagcgccagg agatcaggac agcctacaag agcaccatcg 480
30 gcagggactt gatagacgac ctgaagtcag aactgagtgg caacttcgag caggtgattg 540
tggggatgat gacgcccacg gtgctgtatg acgtgcaaga gctgcgaagg gccatgaagg 600
gagccggcac tgatgagggc tgccctaattg agatcctggc ctcccgacc cctgaggaga 660
tccggcgcat aagccaacc taccagcagc aatatggacg gagccttgaa gatgacattc 720
gctctgacac atcggtcatg ttccagcgag tgctgggtgc tctgtcagct ggtgggagg 780
35 atgaaggaaa ttatctggac gatgctctcg tgagacagga tgcccaggac ctgtatgagg 840
ctggagagaa gaaatggggg acagatgagg tgaaatttct aactgttctc tgttcccgga 900
accgaaatca cctgttgcat gtgtttgatg aatacaaaaag gatatacag aaggatattg 960
aacagagtat taaatctgaa acatctggta gctttgaaga tgctctgctg gctatagtaa1020
agtgcagtag gaacaaatct gcatattttg ctgaaaagct ctataaatcg atgaagggt1080
40 tgggcaccga tgataacacc ccatcagag tgatgggttc tcgagcagaa attgacatgt1140
tggtatcccg ggcacacttc aagagactct atggaaagtc tctgtactcg ttcataagg1200
gtgacacatc tggagactac aggaaggtac tgcttgttct ctgtggagga gatgattaaa1260
ataaaaatcc cagaaggaca ggaggattct caacactttg aattttttta acttcatttt1320
tctacactgc tattatcatt atctcagaat gcttatttcc aattaaaacg cctacagctg1380
45 cctccctagaa tatagactgt ctgtattatt attcacctat aattagtcat tatgatgctt1440
taaagctgta cttgcatttc aaagcttata agatataaat ggagatttta aagtagaat1500
aaatatgtat tccatgtttt taaaagatta ctttctactt tgtgtttcac agacattgaa1560
tatattaaat tattccatat ttctttttca gtgaaaaatt ttttaaatgg aagactgttc1620
taaaatcact tttttcccta atccaatttt tagagtggct agtagtttct tcatttgaaa1680
50 ttgtaagcat ccggtcagta agaatgcca tccagtttct tatatttcat agtcaaagcc1740
ttgaaagcat ctacaaatct ctttttttag gttttgtcca tagcatcagt tgatccttac1800
taagtttttc atgggagact tcttctatca catcttatgt tgaaatcact ttctgtagtc1860
aaagtatacc aaaaccaatt tatctgaact aaattctaaa gtatgggtat acaaaccata1920
tacatctggt taccaaaccat aaatgctgaa cattccatat tattatagtt aatgtcttaa1980
55 tccagcttgc aagtgaatgg aaaaaaaaaat aagcttcaaa ctaggtattc tgggaatgat2040
gtaatgctct gaatttagta tgatataaag aaaacttttt tgtgctaaaa atacttttta2100
aaatcaattt tgttgattgt agtaatttct atttgactg tgcctttcaa ctccagaaac2160
attctgaaga tgtacttga ttaattaaa aagttcactt tgtaaaaaaa aaa 2213

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2878 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67:

```

cctcgtgcag gtgcaccgct tggtcctaaa agctctggag gatggccggg catatgggtc 60
tccatgggtgc aacaaacaga tcacaagggtg cctaattgaa tgtcgagatg aatataaata 120
taatgtggag gctgtggagc tgctaattcg caatcatttg gttaatatgc agcagtatga 180
tcttcaccta ggcagtc aa tggaagtgg cttaaactac atggctgtgg catttgctat 240
gcagttagta aaaatcctgc tgggtggatga aaggagtgtt gctcatgtta ctgaggcaga 300
tctgttccac accattgaaa cctcatgag gattaatgct cattccagag gcaatgctcc 360
agaaggattg cccagctga tggaaagtgt gcgatccaac tatgaagcaa tgattgatcg 420
tgctcatgga ggcccaaact ttatgatgca ttctgggatc tctcaagcct cagagtatga 480
tgaccctcca ggccctgagg agaaggcaga gtatcttctg agggaaatggg tgaatctcta 540
ccattcagca gcagctggc gcgacagtac caaagctttc tctgcatttg ttggacagat 600
gcaccagcaa ggaatactga agaccgatga tctcataaca aggttctttc gtctgtgtac 660
tgaaatgtgt gttgaaatca gttaccgtgc tcaggctgag cagcagcaca atctgtctgc 720
caatcccacc atgatccgag ccaagtgtca tcacaacctg gatgcctttg ttcgactcat 780
tgcaactgctc gtgaaacact caggggaggc caccaacact gtcacaaaga ttaactctgct 840
gaacaaggtc cttggtatag tagtgggagt tctccttcag gatcatgatg ttcgtcagag 900
tgaatttcag caacttcctt accatcgaat ttttatcatg cttctcttgg aactcaatgc 960
acctgagcat gtgttgga aa ccattaattt ccagacactt acagctttct gcaatacatt1020
ccacatcttg aggctacca aagctcctgg ctttgtatat gcctggcttg aactgatttc1080
ccatcgata tttattgcaa gaatgtctgc acatacgcca cagcagaagg ggtggcctat1140
gtatgcacag ctactgattg atttattcaa atatttagcg cctttcctta gaaatgtgga1200
actcaccaaa cctatgcaaa tcctctacaa gggcacttta agagtgtctg tggttccttt1260
gcatgatttc ccagagttcc tttgtgatta ccattatggg ttctgtgatg tgatcccaac1320
taattgtatc cagttaagaa atttgatcct gagtgccttt ccaagaaaca tgaggctccc1380
cgaccctatc actcctaate taaagggtga catgttgagt gaaattaaca ttgctcccc1440
gattctcacc aatttcactg gagtaatgcc acctcagttc aaaaaggatt tggattccta1500
tcttaaaact cgatcaccag tcactttcct gtctgatctg cgcagaacct acaggtatcc1560
aatgaacctg ggaatcgcta caacctccag ctcatcaatg cactggtgct ctatgtcggg1620
actcaggcca ttgcgcacat ccacaacaag ggcagcacac cttcaatgag caccatcact1680
55 cactcagcac acatggatat cttccagaat ttggctgtgg acttgacac tgaggggtcg1740
tatctctttt tgaatgcaat tgcaaatcag ctccgggtacc caaatagcca cactcactac1800

```

5 ttcagttgca ccatgctgta cctttttgca gaggccaata cggaagccat ccaagaacag1860
 atcacaagag ttctcttgga acggttgatt gtaaataggc cacatccttg gggctcttctt1920
 attaccttca ttgagctgat taaaaaccca gcgtttaagt tctggaacca tgaatttgta1980
 cactgtgccc cagaaatcga aaagtatttc cagtcggtcg cacagtgtcg catgggacag2040
 aagcagggcc agcaagtaat ggaagggaca ggtgccagtt agacgaaact gcatctctgt2100
 tgtacgtgtc agtctagagg tctcactgca ccgagttcat aaactgactg aagaatcctt2160
 tcagctcttc ctgactttcc cagccctttg gtttgtgggt atctgcccc actactgttg2220
 ggatcagcct cctgtcttat gtgggcacgt tccaaagttt aaatgcattt ttttgactct2280
 tggccaaaat ttagaagatg ctgtgaatat cattttgaaac ttgtgtaaat acatgaaaga2340
 10 ggaaaacctt tgtctggaac ttcttggtt ttgtgcaagc gtgtccaagg caagtacata2400
 aactggtacc ttgtaatgaa gaggcagctg atgccatgca cttgtctgag ggcatagctc2460
 catgtcttct gacattcctg gtgtcccaaa gaatagcaaa aagccagttt gaatattatg2520
 taacttattt ttttaatgtg gacaggggac cttgaaaatc actaagtatt taaaaatgtg2580
 gatgtgctag aattggatat gtccaggaac atgggaaggg ctactattg gaatcccatg2640
 15 agtttccatt ttgtctctac ccaaacgtat tccaaagctg actgcatttg taccatctta2700
 tttcttttgg ggattatata cctcagccgc ctgagatggg ggtcagctct ttatataaag2760
 ggaaaccaga ccaggcctaa agcccacccc ctaccctcac cccccccaca atcctctcct2820
 gaaactttaa aaaccagtgg ggatttttagg gaaagggaac ccaaaccgcg attaattg 2878

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 701 Basenpaare
 25 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 30 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68:

45 atgatatttt ggatgtagtc ttttgattgt ttaaatctta aaaagtaatg ggatcttttg 60
 acactggggg atgttttatt tttatgtgtg caaattttta ccatattctt ttctagttaa120
 agaggaaaaa gcaagttgct ccagaaaaac ctgtaaagaa acaaaagaca ggtgagactt180
 cgagagccct gtcattcttct aaacagagca gcagcagcag agatgataac atgtttcaga240
 ttgggaaaaat gaggtacgtt agtggttcgcg atttttaaagg caaagtgtcta attgatatta300
 50 gagaatattg gatggatcct gaaggtgaaa tgaaaccagg aagaaaaggg atttctttta360
 atccagaaca atggagccag ctgaaggaac agatttctga cattgatgat gcagtaagaa420
 aactgtaaaa ttccagccat ataaataaaa cctgtactgt tctagtgtgt ttaatctgtc480
 tttttacatt ggcttttggt ttctaaatgt tctccaagct attgtatgtt tggattgcag540
 aagaatttgt aagatgaata ctttttttta atgtgcatta ttaaaaatat tgagtgaagc600
 55 taattgtcaa cttttattaag gattactttg tctgccacc acctagtgtg aaataaaatc660
 aagtaataca atcttaaaaa aaaaaaaaaa aaaagtcgag c 701

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 5 (A) LÄNGE: 817 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69:

25 gttttttttt tttttttttt ttttttttaa gcacagaaag cttttattac cacagaggaa 60
 atcaggaaat gctggaggca gcctcgttag ctgtgtgata agggaggagg cagcaggcgg120
 gaacccgtca tcaatcatgt ctgggcagtc tccaaccaa cagggtttgt tggttcaggal80
 gaggcttttg ctgggctgtg tgtgtgtatg atcaggaaag tcagcctcaa caaatgggct240
 30 tcttcctgga cataggacag ccagaatcgg ggacaccagc tgcacagaca ccaccttaaa300
 atggaaatca aattaggttc attacatcag gaagtacatt tcaccctgat cataaaagag360
 ggacaaggga gcaactgggct ctactggata gcctttcttt tagataagat gcttttaaaa420
 gttaaacatt ggcagggcct ttcccctagc taacagcaag cagcacacaa ttccaagtca480
 gcttgtaaag cttttgttat ctttggtatc tggtattatt tggattttga acgaaattga540
 35 tggagtacga gccggtagag gaatcctggt tgatctggaa attttccgtg gagagcccaa600
 aaggctcggag aaccaagtgc ccaagatctt ttaatttacc taacatctct tcttttagtc660
 ttccattacg ttcttcaatt tgcttaggta atctcataca agcttctctt gcttgatgta720
 ttgatgaagg ttcccgcctg ctgtccctc cctgatcaca cagctaacga ggctcctcca780
 gcatttcctg atttcctctg tggtaataaa agctttc 817

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 45 (A) LÄNGE: 2686 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 50 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70:

```

gcaaggccta ctgtcggctg ggaggggagg tgtagccggt ctttgggggt aggcggtagt 60
ggcggaagag gttcggcggc tgatggcgga tcaggatcgg aagcctgcgt aactttctcc 120
cttgatccgg gagtctttcc actggattca caatgacatc ctttcaagaa gtccattgac 180
15 agacttccaa ctttgcccat gtcattcttc aaaatgtggc caagagttac cttcctaata 240
cacacctgga atgtcattac accttaactc catatatcca tccacatcca aaagattggg 300
ttggtatatt caagggttga tggagtactg ctctgtatta ttacacgttt ttatgggtccc 360
ctatgcctga acattatgtg gaaggatcaa cagtcaattg tgtactagca ttccaaggat 420
attaccttcc aaatgatgat ggagaatttt atcagttctg ttacgttacc cataagggtg 480
20 aaattcgtgg agcaagtaca cctttccagt ttcgagcttc ttctccagtt gaagagctgc 540
ttactatgga agatgaagga aattctgaca tgttagtggt gaccacaaaa gcaggccttc 600
ttgagttgaa aattgagaaa accatgaaaag aaaaagaaga actgttaaag ttaattgccg 660
ttctggaaaa agaaacagca caacttcgag aacaagttgg gagaatggaa agagaactta 720
accatgagaa agaaagatgt gaccaactgc aagcagaaca aaaggtctt actgaagtaa 780
25 cacaaagctt aaaaatggaa aatgaagagt ttaagaagag gttcagtgat gctacatcca 840
aagcccatca gcttgaggaa gatattgtgt cagtaacaca taaagcaatt gaaaaagaaa 900
ccgaattaga cagtttaaa gacaaactca agaaggcaca acatgaaaga gaacaacttg 960
aatgtcagtt gaagacagag aaggatgaaa aggaacttta taaggtacat ttgaagaata 1020
cagaaataga aaataccaag cttatgtcag aggtccagac tttaaaaaat ttagatggga 1080
30 acaaagaaa cgtgattact catttcaaag aagagattgg caggctgcag ttatgtttgg 1140
ctgaaaagga aaatctgcaa agaactttcc tgcttacaac ctcaagtaaa gaagatactt 1200
gttttttaaa ggagcaactt cgtaaagcag aggaacaggt tcaggcaact cggcaagaag 1260
ttgtctttct ggctaaagaa ctcaagtgat ctgtcaacgt acgagacaga acgatggcag 1320
acctgcatac tgcacgcttg gaaaacgaga aagtgaaaaa gcagttagct gatgcagtg 1380
35 cagaacttaa actaaatgct atgaaaaaag atcaggacaa gactgatata ctggaacacg 1440
aactaagaag agaagttgaa gatctgaaac tccgtcttca gatggctgca gaccattata 1500
aagaaaaatt taaggaatgc caaaggctcc aaaaacaaat aaacaaactt tcagatcaat 1560
cagctaataa taataatgtc ttacaaaaga aaacggggaa tcagcagaaa gtgaatgat 1620
40 cttcagtaaa cacagacca gccacttctg cctctactgt agatgtaaa ccatacactt 1680
ctgcagcaga ggcagatttt gacatagtaa caaaggggca agtctgtgaa atgaccaaa 1740
aaattgctga caaaacagaa aagtataata aatgtaaaac actcttgca gatgagaa 1800
caaaaatgca taaatgatgt gatgaacttg caaaaatgga gctgaaatg aaagaacaag 1860
tgaaaaattg tgaaaatgta aaacttgaac tagtgaaat acaggacaat tataaagaac 1920
45 ttaaaaggag tctagaaaat ccagcagaaa ggaaaatgga agatggagca gatgtgctt 1980
tttaccacga tgaatacaaa aggccacctg tcagagtccc ctcttgggga ctggaagaca 2040
atgttgctct cagccagcct gctcgaaact ttagtcggcc tgatggctta gaggactctg 2100
aggatagcaa agaagatgag aatgtgccta ctgctcctga tcctccaagt caacatttac 2160
gtgggcatgg gacaggcttt tgctttgatt ccagctttga tgttcacaag aagtgtcccc 2220
tctgtgagtt aatgtttcct cctaactatg atcagagcaa atttgaagaa catgttgaaa 2280
50 gtcactggaa ggtgtgcccg atgtgcagcg agcagttccc tcctgactat gaccagcagg 2340
tgtttgaaag gcatgtgcag acccattttg atcagaatgt tctaaatttt gactagttaa 2400
tttttattat gagttaatat agtttagcag taaaaaaaaa aaaaaaaacc acacctaaaa 2460
tagaccactg aggagaccat agagcggatg ctttcatgca ccctttactg cactttctga 2520
ccaggagcta ctttgagttt ggtgttacta ggatcagggt cagtctttgg cttatcaata 2580
55 aattttaatc tctgttaatc ttacaaaaat ttaaaaaaaa aaaaaaaat cgtactttat 2640
ttatccctag ttgcagactg ctgaataaag gtcaaggatt atccat 2686

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 922 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72:

```

ctgctctgaa aagccatctt tgcattgttc ctcacccgcc tccttgctcg cggcagccgc 60
ctccgccgcg cgccctctcc gccgccgcgg actccggcag ctttatcgcc agagtccctg120
aactctcgct ttctttttaaa tcccctgcat cggatcaccg gcgtgcccc aatgtcaga180
cgcagccgta gacaccagct ccgaaatcac caccaaggac ttaaaggaga agaaggaa240
tgtggaagag gcagaaaatg gaagagacgc ccctgctaac gggaatgcta atgaggaaaa300
tggggagcag gaggtcgaca atgaggtaga cgaagaagag gaagaagggg ggtgatggtg360
aggaagagga tggagatgaa gatgaggaag ctgagtcagc tacgggcaag cgggcagctg420
aagatgatga ggatgacgat gtcgatacca agaagcagaa gaccgacgag gatgactaga480
cagcaaaaaa ggaaaagtta aactaaaaaa aaaaaggccg ccgtgacctt ttcacctcc540
acttccgctc tcagaatcta aacgtggtca ccttcgagta gagaggcccg cccgcccacc600
gtgggcagtg ccccccgcag atgacacgcg ctctccacca cccaacccaa accatgagaa660
tttgcaacag gggagggaaa aaggaccaa acttccaagg ccctgctttt tttcttaaaa720
gtactttaaa aaggaaattt gtttgatgtg tctatttaca tttgatagtg ttgtacatat780
tgtaggggt caaccatttt taatgatctc ggatgaccaa accagccttc ggaagcgttc840
tctggcctac ttctggactt ttacgttggt gggttgttga ccatgttcaa ttataatccc900
aaaaggggga aaaaaaacct tt                                     922

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 870 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73:

10

```
ggaagtggcg gtgcgagggc tgctgcacag cgagcggagc cgcggtccgg acggcagcgc 60
gtgccccgag ctctccgcct cccccgccc gccagccgag gcagctcgag ccagtcgcgc120
ggccccagca gcagcgccga gagcagcccc agtagcagcg ccatggccgg gtggaacgcc180
tacatcgaca acctcatggc ggacggggacc tgtcaggacg cggccatcgt gggctacaag240
15 gactcgccct ccgtctgggc cgccgtcccc gggaaaacgt tcgtcaacat cagccagct300
gaggtgggtg tcctgggttg caaagaccgg tcaagttttt acgtgaatgg gctgacactt360
ggggggccaga aatgttcggt gatccgggac tcaactgctg aggatgggga atttagcatg420
gatcttcgta ccaagagcac cggtagggcc ccacacttca atgtcactgt caccaagact480
gacaagagcg tagtcctgct gatgggcaaa gaaggtgtcc acggtggttt gatcaacaag540
20 aaatgttatg aaatggcctc ccaccttcgg cgttcccagt actgacctcg tctgtccctt600
ccccttcacc gctccccaca gctttgcacc cctttcctcc ccatacacac acaaaccatt660
ttattttttg ggccattacc ccataccctt tattgctgcc aaaaccacat gggctggggg720
ccagggtcgg atggacagac acctccccct acccatatcc ctcccgtgtg tggttggaaa780
acttttgttt ttgggggttt tttttttctg aataaaaaag atttactta acaaaaaaaa840
25 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagggggggg                                     870
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1418 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74:

```
ataaaagagg aaagagtgcc caggtcttca ctccactgcg actgcagaac tcagagctgc 60
tcttcctctg tggccagttg gggaccagca tcatgaagtg gatgggtggg gtcttggtct 120
gcctccagct cttggaggca gcagtgggtc aagtgcacct gaagaaattt aagtctatcc 180
```

```

gtgagacccat gaaggagaag ggcttgctgg gggagttcct gaggaccac aagtatgatc 240
ctgcttgga gtaccgcttt ggtgacctca gcgtgacctc cgagcccatg gcctacatgg 300
atgctgccta ctttggtgag atcagcatcg ggactccacc ccagaacttc ctggtccttt 360
ttgacaccgg ctccccaac ttgtgggtgc cctctgtcta ctgccagagc caggcctgca 420
5 ccagtcactc ccgcttcaac cccagcgagt cgtccacctc ctccaccaat gggcagacct 480
tctccctgca gtatggcagt ggcagcctca ccggcttctt tggctatgac accctgactg 540
tccagagcat ccagggtccc aaccaggagt tcggcttgag tgagaatgag cctgggtacca 600
acttcgtcta tgcgcagttt gatggcatca tgggcctggc ctaccctgct ctgtccctgg 660
atgaggccac cacagctatg cagggcctgg tgcaggaggc cgccctcacc agccccgtct 720
10 tcagcgtcta cctcagcaac cagcagggtc ccagcggggg agcgggtgtc tttgggggtg 780
tggatagcag cctgtacacg ggcagatct actgggcgcc tgtcaccag gaactctact 840
ggcagattgg cattgaagag ttctcatcg gcggccaggc ctccggctgg tgttctgagg 900
gttgccaggc catcgtggac acaggcacct ctctgtcac tgtgccccag cagtacatga 960
gtgctcttct gcaggccaca ggggccagg aggatgagta tggacagttt ctctgaaact 1020
15 gtaacagcat tcagaatctg cccagcttga ccttcatcat caatggtgtg gagttccctc 1080
tgccaccttc ctctatatc ctcagtaaca acggtactg caccgtggga gtcgagccca 1140
cctacctgtc ctccagaac ggcagcccc tgtggatcct cggggatgtc ttctcaggt 1200
cctactatc cgtctacgac ttggcaaca acagagtagg ctttgccact gccgcctaga 1260
cttgcctgct cgacacgtgg gctccccctt tcctcttgac cctgcacct cctagggcat 1320
20 tgtatctgtc ttccactct ggattcagcc ttcttttctt ggactctgga ctttctcta 1380
taataaatag ttcttctttt aaaaaaaaa aaaaaaaa 1418

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1712 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76:

```

gtggcagaaa acctcatgac acaatctctc cgctccctg tgttggtgga ggatgtctgc 60
agcagcattt aaattctggg agggcttggg tgtcagcagc agcaggaggg gcagagcaca 120
gcatcgtcgg gaccagactc gtctcaggcc agttgcagcc ttctcagcca aacgccgacc 180
50 aaggaaaact cactaccatg agaattgcag tgatttgctt ttgcctccta ggcacacct 240
gtgccatacc agttaaacag gctgattctg gaagttctga ggaaaagcag ctttacaaca 300
aatacccaga tctgttggtc acatggctaa accctgacct atctcagaag cagaatctcc 360
tagccccaca gaatgctgtg tcctctgaag aaaccaatga ctttaaacaa gagacccttc 420
caagtaagtc caacgaaagc catgaccaca tggatgatat ggatgatgaa gatgatgac 480
55 accatgtgga cagccaggac tccattgat cgaacgactc tgatgatgta gatgacactg 540
atgattctca ccagtctgat gagtctcacc attctgatga atctgatgaa ctgggtcactg 600

```

attttccac ggacctgcca gcaaccgaag ttttctactcc agttgtcccc acagtagaca 660
 catatgatgg ccgaggtgat agtgtgtgtt atggactgag gtcaaaatct aagaagtttc 720
 gcagacctga catccagtac cctgatgcta cagacgagga catcacctca cacatggaaa 780
 gcgaggagtt gaatggtgca tacaaggcca tccccgttgc ccaggacctg aacgcgcctt 840
 5 ctgattggga cagccgtggg aaggacagtt atgaaacgag tcagctggat gaccagagt 900
 ctgaaaccca cagccacaag cagtcagat tatataagcg gaaagccaat gatgagagca 960
 atgagcattc cgatgtgatt gatagtcagg aactttccaa agtcagccgt gaattccaca 1020
 gccatgaatt tcacagccat gaagatatgc tgggtgtaga ccccaaaagt aaggaagaag 1080
 ataaacacct gaaatttctg atttctcatg aattagatag tgcattcttct gaggtcaatt 1140
 10 aaaaaggagaa aaaatacaat ttctcacttt gcatttagtc aaaagaaaa atgctttata 1200
 gcaaaatgaa agagaacatg aaatgcttct ttctcagttt attggttgaa tgtgtatcta 1260
 tttgagtcgt gaaataacta atgtgtttga taattagttt agtttgtgac ttcattggaa 1320
 ctccctgtaa actaaaagct tcagggttat gtctatgttc attctataga agaaatgcaa 1380
 actatcactg tattttaata ttgtttatc tctcatgaat agaaatttat gtagaagcaa 1440
 15 acaaaatact ttaccacct taaaaagaga atataacatt ttatgtcact ataattcttt 1500
 gttttttaag ttagtgtata tttgttgtg attatctttt tgtggtgtga ataatcttt 1560
 tatcttgaat gtaataagaa ttgtgtgtg tcaattgctt atttgttttc ccacggtgt 1620
 ccagcaatta ataaacata acctttttta ctgcctaaaa aaaaaaaga gaaaagaaa 1680
 aaaagaaaag aaaaaaaggg gagggagggg ag 1712

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1273 Basenpaare

25 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78:

45 accgccccg ctgtgggtct cagcagctcg ggcgcgggga ggggtggcag cggaaggca 60
 gccagtttc gcgaaggctg tcggcgcgcc gcgcccgcga gccaccggc acgcgccttc 120
 cccgcaggca cccggcacgc gccttccccg ccgccacgat gcccaagagg aaggctcagct 180
 ccgccaagg gccgccaagg aagagccaa gagagatcg gcgcggtgt cagctaaacc 240
 tctcgcaaaa gtggaagcga accgaaaaag gcagcagcga aggataaatc ttcagacaaa 300
 50 aaagtgcaaa caaaaggga aaggggagca aagggaaac aggccgaagt ggctaacca 360
 gaaactaaag aagacttacc tgcggaaaac ggggaaacga agactgagga gactccagcc 420
 tctgatgaag caggagagaa agaagccaag tctgattaat aaccatatac catgtcttat 480
 cagtggctcc tgtctccctt cttgtacaat ccagaggaat atttttatca actattttgt 540
 aaatgcaagt ttttttagtag ctctagaaac atttttaaga aggagggaat ccacctcat 600
 55 cccatttttt aagtgtaat gctttttttt aagaggtgaa atcatttgct ggttgtttat 660
 tttttggtac aaccagaaaa tagtgtggga tattgaatta tgggaggctc tgactgtctc 720

```

gggtgtcagc ttaacattcc acagatgggg ggtagtttt tatatcctat aatacaaacg 780
atattaaatg gcaatatgga gtcagtcctg catttaatgt cttgaacatt ttaaattact 840
tctattacca tgttggtttt tagtagaatt gtttcctaaa gaaaaccact ctttgatcat 900
ggctctctct gccagaattg tgtgcaactt gtaacatctt tgtggtagtc ctgttttcct 960
5 aataactttg ttactgtgct gtgaaagatt acagatttga acatgtagtg tacgtgctgt 1020
tgagtgtgga actggtgggc cgtatgtaac agctgaccaa cgtgaagata ctgggtacttg 1080
atagcctctt aaggaaaatt tgcttccaaa ttttaagctg gaaagtcact ggaataactt 1140
taaaaaagaa ttacaataca tggcttttta gaatttcgtt acgtatgtta agatttgtgt 1200
10 acaattgaa atgtctgtac tgatcctcaa ccaataaaat ctcagttatg aaaataaaaa 1260
aaaaaaaaa aaa 1273

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2342 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79:

```

cctcggacca ccggactggc ctggggcggg acgtgggcgc gggggcgcgg cgtgcggcac 60
gctgcagggc tgaagcggcg gcggcgggtg ggactgcacg tagcccgcg ctcggcatgg 120
ctctcctggt gctcggctctg gtgagctgta ccttctttct ggcagtgaat ggtctgtatt 180
40 cctctagtga tgatgtgac gaattaaact catcaaatt caaccgagaa gttattcaga 240
gtgatagttt gtggcttgta gaattctatg ctccatgggt tggctactgt caaagattaa 300
caccagaatg gaagaaagca gcaactgcat taaaagatgt tgtcaaagtt ggtgcagttg 360
atgcagataa gcatcattcc ctaggaggtc agtatggtgt tcagggattt cctaccatta 420
agatttttgg atccaacaaa aacagaccag aagattacca aggtggcaga actggtgaag 480
45 ccattgtaga tgctgcgctg agtgctctgc gccagctcgt gaaggatcgc ctcgggggac 540
gaagcggagg atacagttct ggaaaacaag gcagaagtga tagttcaaagt aagaaggatg 600
tgattgagct gacagacgac agctttgata agaattgtct ggacagtga gatgtttgga 660
tggttgagtt ctatgtctct tgggtgtggc actgcaaaaa cctagagcca gagtgggctg 720
ccgcagcttc agaagtaaaa gacgacagca aaggaaaaagt gaaactggca gctgtggatg 780
50 ctacagtcaa tcaggttctg gcctcccgat acgggattag aggatttcct acaatcaaga 840
tatttcagaa agcgagctc cctgtggatt atgacggtg gcggacaaga tccgacatcg 900
tgtcccgggc ccttgatttg tttctgata acgccccacc tcctgagctg cttgagatta 960
tcaacgagga cattgccaa aggacgtgtg aggagcacca gctctgtgt gtggctgtgc 1020
75 tgccccatat ccttgatact ggagctgcag gcagaaattc ttatctggaa gttcttctgal 1080
agttggcaga caaatacaaa aagaaaatgt ggggggtggc gtggacagaa gctggagccc 1140
agttctgaact tgagaccgcg ttggggattg gaagggtttg gtaccccgcc atggccgccal 1200

```

```

tcaatgcacg caagatgaaa tttgctctgc taaaaggctc cttcagtgag caaggcatca1260
acgagtttct cagggagctc tcttttgggc gtggctccac ggcacctgta ggagcgggg1320
ctttccctac catcggttag agagagcctt gggacggcag ggatggcgag cttcccgagg1380
aggatgacat tgacctcagt gatgtggagc ttgatgactt agggaaagat gaggttgtgag1440
5 agccacaaca gaggcttcag accattttct tttcttggga gccagtggat tttccagca1500
gtgaaggagc attctctaca ctacagatgac tctaccagtg gccttttaac caagaagtag1560
tacttgattg gtcatttgaa aacactgcaa cagtgaactt ttgcatctca agaaaaacatt1620
gaaaaattct atgaattgtt gtagccgggtg aattgagtcg tattctgtca cataatattt1680
tgaagaaaac ttggctgtcg aaacattttt ctctctgact gctgcttgaa tgttcttgga1740
10 ggctgtttct tatgtatggg ttttttttaa tgtgatccct tcatttgaat attaatggct1800
ttttccatta aagaataaaa tattttggac aatgccgata aatgtatgaa gttagtatcc1860
acatacataa ttcagagtga tgttttagcag taaatcaata ttttgaagtg atacacagat1920
gtctttctct cccacaaaact tttttaaaca aaaaacaaga cctcttttct ttagatgggt1980
ccacctatgc ccaccacaac agagatttta catggaaacc gggctcagtg agaactgatt2040
15 tcttgcccaa tatttgtcct tgggctgtct ctagtgacta attattaagg aatctagctg2100
gttatacagt tcaaggcttt ctatgttgtt aatgaacctc aaaatagccg ttaagacatg2160
aaatacagca gcaggttacc aatgcgaaca ggtagttcgc atttatgtaa aacattcaga2220
aatgaagtt ttgaatttgt tggaacattc aaaggacttg agagcatttt attgttaact2280
aaaaaaataa atacaactgt cactaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2340
20 aa 2342

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 1959 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80:
- 45
- ```

gcagttatat aataagtttg ggagacaaaa tgatacgcac acgagagaag atgaagaaga 60
tactcaaagt tccaaatctg aagaacatca tttgtactct aatccaatca aagaagaaat 120
gactgagtct aagttctcta agtactctga aatgagtgag gaaaaacgag ccaaaccttcg 180
tgaaattgag ctcaaagtta tgaagtttca ggatgaattg gaatctggga aaagacctaa 240
50 aaaaccaggc cagagtttct aggagcaagt agaacactac agagataaac ttcttcaacg 300
agagaaaagag aaagagttag aaagagaacg agaaagagac aagaaagata aagaaaaatt 360
ggaatctcgc tccaaagaca agaaggaaaa agatgagtgt actccgacaa ggaaggaaaag 420
gaagaggcga cacagtacat cccccagccc atctcgcagt agcagtggta gacgagttaa 480
atccccatca ccaaaatcgg agcgatcaga gcgttcagaa agatctcata aagagagctc 540
55 acggtccagg tcatctcaca aagattctcc tagagatgtt agcaaaaaag ccaaaagatc 600
accatctggt tcaaggacac ctaaaaggctc taggcgatca cggctctagt ctcttaaaaa 660

```



```

atcaggaaaag aagtcagat cccagtcag atctccacac aggtctcata aaaagtcaaa 720
gaaaaacaaa cactgacgta aatttttaag atgctgtcac ttattggaaa tgcgatttgt 780
tttgtgcctg aacggtctgt tttttaaaaa aacaaaaaat caaatgaaa agcattccctg 840
gggttttttg tttgtttgtg tatgcatgtg taaactcatg agcaactgca tctgtagatc 900
5 tgtcattggt ttatattgtg taaattactt tcattgtggc tatttctcaa gatgaaattt 960
ttattgttct aatggatttc atcagaaatg tgtataatgg atctgctgac agtagtagta1020
ttttgtttta ggatgttgtg acttagcaaa aataatacag atgtcttccc cccttttgta1080
gctttgacaa tttgaattag atttcaaata aaatctgaac agaaaactat aatgttggttt1140
ttttgcccc cgggtgatat taagtcctt aaagtcctac tgagtctcac actactgttg1200
10 tgccttcttat acctgatgca ctttataaag cccagtggtc aagtagctta agttttatat1260
ttactaagat gactatccaa attaaggagc ctgagactcc tatttgggtg tttgctaacc1320
atttgctttt gataagtttc tcttgggtaa tactaatacc cagatatcaa agactaggtal380
gatattggcat ggcgttttgt tagtggaatg cctgggctaaa acattttttt cacagaagca1440
atatgatttc catacatcca acccatgttc tgagcaacta cttactttta gggggaaatt1500
15 aaatatcttt tcatttcctc ttctattatg aaagaagttt atttgtaaaa caaattttct1560
aacaagggtt ggccatagaa ttctcttgta tgattgttga ctttttataa tcttctgtag1620
gctatctttt aaacactggc atcagaatat tttttataag tttgtgttta aacagcttag1680
ttgggtcccc cccctctcc caagagactt ggggttagtt atagcttta gtaaaattal1740
aaaaataaat gtttttcagg aaacttcgta tctaattggt tgtaaatca aggtgcaaaa1800
20 agttgattta aaccatttgc agagttgaac tctattatga aaataaattt gctacggtat1860
gaggaagaaa taaaacttgt gtaatgttgg tcataatact gctataaata taataaagg1920
ttatgtagaa ttgaactgac aaaaaaaaa aaaaaaaaa 1959

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

25

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3708 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81:

```

gccctatta tcacgcacgg tagacaagct tttttttttt ttttttttta cagcttataa 60
cacaactttt attagaaaag ttatacataa catagcatca actattttca agaacaatat 120
50 taaaccgat aagcaacaaa aaccagacta acaaaatgtg taacaagaaa ctaatgacct 180
ttctaaaatc aaacattcaa ttatctacaa tgtcttttta caaacgggga aaactccttg 240
gtttacaggc acatcatatt gaatataaag ctgcaatagc aattttatc aattaccact 300
ctgaagaaac tgaatcatta aaacagtaat tacgagttca caaattttaa acatttcaca 360
taatttttaa ttattgggta tacactgaag tctgagtttc aaaagtgatt ttttttccc 420
55 acaaaagttt caacacttaa gctagaactt tcagtgttaa ctttgcccta aaaagttaa 480
acatattctg ataatacata cagtcacatg atttctgatg ctatctggtc tgtaataat 540

```

```

aaagtccttta tttggatgta tttttcttca attaaattac aggaaactgg atataaggatt 600
tcgttgcaac gctatttaaag ttccaaacca ggagtgtgca gcactggaaa aggagatcag 660
tactaaaact tacaataaat atcagagaag ccgttagttt ttacagcatc gtctgcttaa 720
aagctaagtt gaccagggtgc ataatttccc atcagttctgt ccttgtagta ggcaggggcaa 780
5 tttctgtttt catgatcgga atactcaa atactcaaac atctttttaa aactttgatt 840
tatagctcct agaaagtatt gttttttaat agtcactcta ctctaatacag gcctagcttt 900
gctcattttg gagcctcact aaaataacag atttcagtat agccaagttc atcagaaaga 960
ctcaaatgga atgatttaca aaatagaaca ctttaaacca ggtcagtcct atctttttgt 1020
agctgaaggc tatcagtcac aacacaattt cgcgtacacc tctgctcatt atggaattac 1080
10 actttaaaccg aatctcaaga ggggtgaccat tgttgtttca gataccatcc ctaaggagag 1140
tgggttaacag gaagattgcc agtggttactg atggaaagaa gtgtttgttt gttttttttt 1200
cttgtcaaaag acttacacca tagtttttaa ttaactgtc aggcattttc tcagacaggt 1260
tttctttttc aatgcagtaa tgaagaacta agataaaaaat catgactttt gactgccact 1320
caacattatt acatgcacca atattgcaca catctgttct gaactgttaa aatcatcttc 1380
15 tgagtccttg ggggtgctgtt ttctccatca gaacacaaac acaacccatc taatcagttt 1440
ccctcaaaga tgaaattgac aaattttaatg tactggaaaa aaatgaagaa ggaaaaaggc 1500
aaagactttg tacagacaaa aatctaagtt ttctcaaagg gttctgtgtc ccctacacat 1560
gggggcaatt tgtaagcact agtgaatcaa acactagcta taatgcttct agtcccttat 1620
ataatatgga accttggtcc aggtgttgcg atgatgtcac tgtacggttc ttctgtgtc 1680
20 agctcaatag cttgctgctt tttaagaacc aagaagctgt agaactttgc ggcagcttgt 1740
tttctgttcg tatttcgaca taactcaagc aaactgatag attcagctcc agtttttagc 1800
agagcacgct gaagaccatg aagcatctgc tgagtccttt tgttccatct tctttcttcc 1860
tgatcttgat cgcccctga tgcattctca tctcttctct ctccatcatc ttctttttcc 1920
ttctctttct ccttctcttt ttctggcaga agttctaact ctggtattag ctgacagata 1980
25 tttggagggtt cttctggggg aagctctaca ggtggtattt cccatctgct ctgggtcaat 2040
ttgtccagct tttcgcttaa ctccctgagg tgggtgtgga ggcatactg actcatctat 2100
gtttgttctg ctggcctcca tcaactgactc ctggaggcgg cttggctctt caataatggg 2160
ctcatcgata acatcacgct gctgatgtcg ctgttgcctg tctctctag gaacctctgg 2220
attttcaaat tctttgagga attcatcaa attatctgcc tctcctctt tctcctttt 2280
30 tctaaggctc tctggtacaa gcggtgtaag acagcgtgta aagagcttca gtagctgtt 2340
attccacaaa ggctgagcag gtaaaagaaa cagtttttct actcctctg tctctttcca 2400
catcatcaat ttcttggtgg cggtgccaga tccaaagtag taacaatata tgaataatca 2460
ctaagttggg ctctaattgt cttgctatcc aactctttga cactgtcaac aattagcttc 2520
ctcttctctc tggcttttgt ttctttaaga gttatatcaa taggctccaa tgcaaatgct 2580
35 tcttctctat ttggaacaag tgttgtttga tcagtcattg ttggcattgg ttcaacggga 2640
tccactgaat caggactatc aggccaccc attgatacat tatcatctc atccatatcg 2700
tcatgtgcag gctgctctgg caacatcacc cctgcctcag agagggcagg gggatcatca 2760
aagataaccg catcattatt actaataagt ttgtcatcta atattccacc atcatttctc 2820
tctccaaaat tatcatcctt atattgatct tcatattcta aatggttaat tttctcattc 2880
40 agattgctgg tgctctgttc agactcta ataggagttag aagtagtagt gcttactaac 2940
atgtcgtcat cctcaaaagc actgccttct ctcatatct cagcatcatc cattccaaa 3000
tcacaaaat cattttcttg taaaatactg atgttcccaa cttcttctc catggttatc 3060
tcttccactc tactctgatt caagctgaac tgcgtggcca catcgatgtc atctaagtc 3120
ggcagtggtc gatcaaagtc atgaaattct tcaggtaaag taatggcatt ataagctgct 3180
45 tcccgatttt cctcaggcag gtcaaccaca cctgccggaa aagccatctt tatcttaag 3240
aatgcttcat tacagtctgc aagaaggat ttggctttcc tgtgatagat tcgaactact 3300
cccagtaaga gatgtcctga tgtccgtaat gccattttta cctttggtga gatgatactc 3360
ttccacgctg ctctctaaat tacactcgaa cacatgggct ttggttagct tcttatccca 3420
atggggcgct agccaaattc ttgccagagg ccctctttta ctgagaacaa aatgtgcgta 3480
50 gaacattgtt ctggctggct atgaaaacag aagaaaacct tgcctctccg tgggagttgg 3540
gcgggctggg tggcccgggg aggggaaaag ggtcggggga ggggggtggg aaagggggga 3600
gcccttgcca ggtgtagctt ccgagcagct ccccgcccc caccggcggc gcctccttcc 3660
cgattcactc aaacaaacaa gatggctgcc gttaaaccgc ggctcttc 3708

```

## 55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3045 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

60 (C) STRANG: einzel

## (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5.

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82:

```
20 gtccattgcc caaaatccgc tatgaaagct tgaccaatcc ccagtaaatt agacctctgg 60
 gaaaaagagct gccatattac ccatacccca aacaaccaag atcgaactct cactattgtg 120
 gatactggaa ttggaatgac caaggtctgac ttgatcaata accttggtac tatcgccaag 180
 tctgggacca aagcgttcat ggaagctttg caggctgggtg cagatatctc tatgattggc 240
 cagttcgggtg ttggttttta ttctgcttat ttgggttgctg agaaagtaac tgtgatcacc 300
 aaacataacg atgatgagca gtacgcttgg gagtcctcag cagggggatc attcacagt 360
25 aggacagaca caggtgaacc tatgggtcgt ggaacaaaag ttatcctaca cctgaaagaa 420
 gaccaaaactg agtacttggg ggaacgaaga ataaaggaga ttgtgaagaa acattctcag 480
 tttattggat atcccattac tctttttgtg gagaaggaac gtgataaaga agtaagcgat 540
 gatgaggctg aagaaaagga agacaaaaga gaagaaaaag aaaaagaaga gaaagagtcg 600
 gaagacaaac ctgaaattga agatgttggt tctgatgagg aagaagaaaa gaaggatgg 660
30 gacaagaaga agaagaagaa gattaaggaa aagtacatcg atcaagaaga gctcaacaaa 720
 acaaagccca tctggaccag aaatcccgac gatattacta atgaggagta cggagaattc 780
 tataagagct tgaccaatga ctgggaagat cacttggcag tgaagcattt ttcagttgaa 840
 ggacagttgg aattcagagc ccttctattt gtcccacgac gtgctccttt tgatctgttt 900
 gaaaacagaa agaaaaagaa caatatcaaa ttgtatgtac gcagagtttt catcatggat 960
35 aactgtgagg agctaattcc tgaatatctg aacttcatta gaggggtggg agactcggag 1020
 gatctccctc taaacatatc ccgtgagatg ttgcaacaaa gcaaaatttt gaaagttatc 1080
 aggaagaatt tgggtcaaaaa atgcttagaa ctctttactg aactggcgga agataaagag 1140
 aactacaaga aattctatga gcagttctct aaaaacataa agcttggaa acacgaagac 1200
 tctcaaaatc ggaagaagct ttcagagctg ttaaggtact acacatctgc ctctgggtgat 1260
40 gagatggttt ctctcaagga ctactgcacc agaatgaagg agaaccagaa acatatctat 1320
 tatatcacac gtgagaccaa ggaccaggtg gctaactcag cctttgtgga acgtcttcgg 1380
 aaacatggct tagaagtgat ctatatgatt gagcccattg atgagtactg tgtccaacag 1440
 ctgaaggaat ttgaggggaa gacttttagt tcagtcacca aagaaggcct ggaacttcca 1500
 gaggatgaag aagagaaaaa gaagcaggaa gagaaaaaaa caaagtgtga gaacctctgc 1560
45 aaaaatcatga aagacatatt ggagaaaaaa gttgaaaagg tggttgtgtc aaaccgattg 1620
 gtgacatctc catgctgtat tgtcacaagc acatatggct ggacagcaaa catggagaga 1680
 atcatgaaag ctcaagccct aagagacaa ctaacaatgg gttacatggc agcaagaaa 1740
 cacctggaga taaaccctga ccattccatt attgagacct taaggcaaaa ggcagaggct 1800
 gataagaacg acaagtctgt gaaggatctg gtcatcttgc tttatgaaac tgcgctcctg 1860
50 tcttctggct tcagtctgga agatccccag acacatgcta acaggatcta caggatgatc 1920
 aaacttgggtc tgggtattga tgaagatgac cctactgctg atgataccag tgctgctgta 1980
 actgaagaaa tgccaccct tgaaggagat gacgacacat cacgcatgga agaagtagac 2040
 taatctctgg ctgagggatg acttacctgt tcagtactct acaattcctc tgataatata 2100
 ttttcaagga tgtttttctt tatttttgtt aatattaaaa agtctgtatg gcatgacaac 2160
55 tactttaagg ggaagataag atttctgtct actaagtgat gctgtgatac cttaggcact 2220
 aaagcagagc tagtaatgct ttttgagttt catgttggtt tattttcaca gattggggta 2280
 acgtgcactg taagacgtat gtaacatgat gttaactttg tgtgggtctaa agtgtttagc 2340
 tgtcaagccg gatgcctaag tagacaaaat cttgttattg aagtgttctg agctgtatct 2400
```

```

 tgatgttttag aaaagtattc gttacatctt gtaggatcta ctttttgaac ttttcattcc2460
 ctgtagttga caattctgca tgtactagtc ctctagaaat aggttaaact gaagcaactt2520
 gatggaagga tctctccaca gggcttggtt tccaaagaaa agtattgttt ggaggagcaa2580
 agttaaaagc ctacctaaagc atatcgtaaa gctgttcaaa aataactcag acccagtcct2640
5 gtggatggaa atgtagtgct cgagtcacat tctgcttaaa gttgtaacaa atacagatga2700
 gttaaaagat attgtgtgac agtgtcttat ttagggggaa aggggagtat ctggatgaca2760
 gttagtgccaa aaatgtaaaa catgaggcgc tagcaggaga tgggttaaca ctagctgctc2820
 caagggttga catggtcttc ccagcatgta ctcagcaggt gtggggtgga gcacatgtag2880
 gcacagaaaa caggaaatgca gacaacatgc atcccctgcg tccatgagtt acatgtgttc2940
10 tcttagtgct cacgttggtt tgatgttatt catggaatac cttctgtgct aaatacagtc3000
 acttaattcc ttggccaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 3045

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2815 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83:

```

 cagtggcggc gcaaccagcc ttctagggcg gcggaggagt ggagtcaaca tatcaatgga 60
 gcaagtcaca gtgctcgatg ccagcttctt cttgaaatct acccagaatg gaatcctgac 120
 aatgatacag gacacacaat gggatgatcca ttcatgttgc agcagtctac aaatccagca 180
40 ccaggaattc tgggacctcc acctccctca ttctatcttg ggggaccagc agttggacca 240
 agaggaaaatc tgggtgctgg aaatggaaac ctgcaaggac ctagacacat gcagaaaaggc 300
 agagtggaaa ctagcagagt tgttcacatc atggattttc aacgagggaa aaacttgaga 360
 taccagctat tacagctggt agaaccattt ggagtcattt caaatcatct gattctaaat 420
 aaaattaatg aggcatttat tgaatggca accacagagg atgctcaggc cgcagtggat 480
45 tattacacaa ccacaccagc gttagtattt ggcaagccag tgagagttca tttatcccag 540
 aagtataaaa gaataaagaa acctgaagga aagccagatc agaagtttga tcaaaagcaa 600
 gagcttggac gtgtgataca tctcagcaat ttgccgcatt ctggctattc tgatagtgtc 660
 gttctcaagc ttgctgagcc ttatgggaaa ataaagaatt acatattgat gaggatgaaa 720
 agtcaggctt ttattgagat ggagacaaga gaagatgcaa tggcaatggt tgaccattgt 780
50 ttgaaaaaag cccttgggt tcaggggaga tgtgtgaagg ttgacctgtc tgagaaat 840
 aaaaaactgg ttctgaggat tccaaacaga ggcattgatt tactgaaaaa agataaatcc 900
 cgaaaaagat cttactctcc agatggcaaa gaatctccaa gtgataagaa atccaaaact 960
 gatggttccc agaagactga gagttcaacc gaagtaagaa acaagaagag aagtccggtg1020
 aagatggtga gaaagacaca aaggatgacc agacagagca ggaacctaat atgcttcttg1080
55 aatctgaaga tgagctactt gtagatgaag aagaagcagc agcactgcta gaaagtggca1140
 gttcagtggg agacgagacc gatcttgcta atttaggtga tgtggcttct gatgggaaaa1200

```

```

5 aggaaccatc agataaagct gtgaaaaaag atggaagtgc ttcagcagca gcaaagaaaa1260
 agcttaaaaa ggtggacaag atcgaggaac ttgatcaaga aaacgaagca gcgttggaal1320
 atggaattaa aaatgaggaa aacacagaac cagggtctga atcttctgag aacgctgatg1380
 atcccaacaa agatacaagt gaaaacgcag atgggtcaaag tgatgagaac aaggacgact1440
10 atacaatccc agatgagtat agaattggac catatcagcc caatgttcct gttggtatag1500
 actatgtgat acctaaaaaca gggttttact gtaagctgtg ttcactcttt tatacaaatg1560
 aagaagtgc aaagaatact cattgcagca gccttcctca ttatcagaaa ttaaagaaat1620
 ttctgaataa attggcagaa gaacgcagac agaagaagga aacttaagat gtgcaaggag1680
 atttaagtat ttcaaaagaaa ataatgggtc tttgttttta atgttaacct tttttaaata1740
15 caatactgat agttagaaga aaactattgt actcttttgt tttagtggag aaataataga1800
 tgtctgttca tgtgttaagt gttatagcaa aaaaaatata catatgggta agttaatgaal1860
 tagtttttgt tttatcagaa tggcaacaga cagaagtact ttgtagagat tgacttccta1920
 agctacttaa gacaacttgc accactaaga aaaaaatgta gaaccatttg gaaaaatgaal1980
 atttagtagt tccaagtttc aaagaaatgt caacatttta ttccattcaa taaagaacaa2040
20 aaccaatagt gtttttatta ctttcatctg aaacattcca tgttttaatc tgagccttgc2100
 agactttcat ttggagtgtg aaccctgttt ggttgcatth catttttgga gaacttaatt2160
 aacgtgagat tggcaattga aatgcagggtg cagttttctg ttaatgtcat gctgtgtgtt2220
 aggtaataag aaatatgaag taattggcct tagattttgt aatttttttc cctgagttcc2280
 tgctagattt cgtattctag tagtcaatgt attttcagtg aaatgcaaaa atattcccat2340
25 tatctttgac cagtattaat ttttgagatc ttactgcttg tcacttgaat cccgtgattg2400
 tcatacatct ctggtataag caacatttga tttttgaagt gtgtagacca tctcttcata2460
 ttttcaagat gtaattttac atttctgcat ttttaaaaca gtttgccat aatcctagat2520
 gcacgcttct aattcatgta cctgcacatg tgacctttgt gaacagaaat ttgcatgtat2580
 aatttgtgtt tacttgtaac tttctgggta tatactgctt atatctgtgg attcaagtta2640
30 ctgaagtga taccataaaa aagaaaaccc taggccatgt taattgggta tacatgtttg2700
 gaatgttaac caaaaaaaa aacagttgtg gtttttattc gctcttaaac tttgtgcatg2760
 ctttaacaat ttatcgcttt taaatctaga gtgaattcct aaagagctgc cgcta 2815

```

## 30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 35 (A) LÄNGE: 3462 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### 45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84:

```

55 ctggatcgta caagaaggga gacaaggacc actgacaaga taaggcctag caggaaacga 60
 agcggctctt tccgctatct gccgcttgtc caccggaagc gagttgcgac acggcagggt 120
 cccgcccggga agaagcgacc aaagcgctcg aggaccggca acatggtgcg gtcggggaat 180

```

```

aaggcagctg ttgtgctgtg tatggacgtg ggctttacca tgagtaactc cattcctggt 240
atagaatccc catttgaaca agcaaaagaag gtgataacca tgtttgtaca gcgacaggtg 300
tttgctgaga acaaggatga gattgcttta gtctgtttg gtacagatgg cactgacaat 360
cccccttctg gtggggatca gtatcagaac atcacagtgc acagacatct gatgctacca 420
5 gatttttgatt tgctggagga cattgaaagc aaaatccaac caggttctca acagggtgac 480
ttcctggatg cactaatcgt gagcatggat gtgattcaac atgaaacaat aggaaagaag 540
tttgagaaga ggcataattga aatattcact gacctcagca gccgattcag caaaagtcag 600
ctggatatta taattcatag cttgaagaaa tgtgacatct ccctgcaatt cttcttgcc 660
ttctcacttg gcaaggaaga tggaggtggg gacagaggag atggccccct tcgcttaggt 720
10 ggccatgggc cttcctttcc actaaaagga attaccgaac agcaaaaaga aggtcttgag 780
atagtgaata tggatgat atcttttagaa ggtgaagatg gggtggatga aatttattca 840
ttcagtgaga gtctgagaaa actgtgcgtc ttcaagaaaa ttgagaggca ttccattcac 900
tggccctgcc gactgacat tggctccaat ttgtctataa ggattgcagc ctataaatcg 960
attctacagg agagagttaa aaagacttgg acagtgtgtg atgcaaaaac ctaaaaaa1020
15 gaagatatac aaaaagaaac agtttattgc ttaaatgatg atgatgaaac tgaagtttta1080
aaaggagata ttattcaagg gttccgctat ggaagtgaata tagttccttt ctctaaagt1140
gatgaggaac aatgaaata taaatcggag ggaagtgtct tctctgtttt gggattttgt1200
aatcttctc aggttcagag aagattcttc atgggaaatc aagttctaaa ggtctttgca1260
gcaagagatg atgaggcagc tgcagttgca ctttctccc tgattcatgc ttggatgac1320
20 ttagacatgg tggccatagt tcgatatgct tatgacaaaa gagctaatac tcaagtcggc1380
gtggcttttc ctcatatcaa gcataactat gagtgtttag tgtatgtgca gctgcctttc1440
atggaagact tgcggcaata catgttttca tccttgaaaa acagtaagaa atatgctccc1500
accgaggcac agttgaatgc tgttgatgct ttgattgact ccatagactt ggcaaaagaa1560
gatgagaaga cagacaccct tgaagacttg tttccaacca ccaaaatccc aaatcctcga1620
25 tttcagagat tatttcagt tctgtgcac agagctttac atccccggga gcctctacc1680
ccaattcagc agcatatttg gaatatgctg aatcctcccg ctgaggtgac aacgaaaagt1740
cagattcctc tctctaaaat aaagaccctt tttcctctga ttgaagccaa gaaaaaggat1800
caagtgactg ctcaggaaat tttccaagac aacctgaag atggacctac agctaaaaa1860
ttaagactg agcaaggggg agcccacttc agcgtctcca gtctggctga aggcagtgtc1920
30 acctctgttg gaaagtgtgaa tcctgtctgaa aacttccgtg ttctagtga acagaagaag1980
gccagctttg aggaagcgag taaccagctc ataaatcaca tcgaacagtt tttggatact2040
aatgaaacac cgtattttat gaagagcata gactgcattc gagccttccg ggaagaagcc2100
attaagtttt cagaagagca gcgctttaac aacttctga aagcccttca agagaaagt2160
gaaattaaac aattaaatca tttctgggaa attgttgtcc aggatggaat tactctgatc2220
35 accaaagagg aagcctcttg aagtctgtc acagctgagg aagccaaaaa gtttctggcc2280
cccaaagaca aaccaagtgg agacacagca gctgtatttg aagaaggtgg tgatgtggac2340
gatttatttg acatgatata ggtcgtggat gtatgggaa tctaagagag ctgcatcgc2400
tgtgatgctg ggagttctaa caaaacaagt tggatgcggc cattcaaggg gagccaaaat2460
ctcaagaaat tcccagcagg ttacctggag gcgcatcacc taattctctg tggaatgaat2520
40 acacacatat atattacaag ggataattta gaccccatc aagtttataa agagtcattg2580
ttattttctg gttggtgat tatttttct gtggtcttac tgatctttgt atattacata2640
catgctttga agtttctgga aagtagatct tttcttgacc tagtatatca gtgacagttg2700
cagcccttgt gatgtgatta gtgtctcatg tggaaacctg gcatggttat tgatgagttt2760
cttaaccctt tccagagtcc tccttgcct gatcctccaa cagctgtcac aacttgtgtt2820
45 gagaagcag tagcatttgc ttcctcccaa caagcagctg ggtaggaaa accatgggta2880
aggacggact cacttctctt tttagttgag gccttctagt taccacatta ctctgcctct2940
gtatataggt ggttttctt aagtggggtg ggaaggggag cacaatttcc cttcatactc3000
cttttaagca gtgagttatg gtggtgtct catgaagaaa agacctttg gcccaatctc3060
tgccatatca gtgaaccttt agaaactcaa aaactgagaa atttactaca gtagttagaa3120
50 ttatatcact tcactgttct ctacttgcaa gcctcaaaga gagaaagttt cgttatatta3180
aaacacttag gtaacttttc ggtctttccc atttctacct aagtcagctt tcatctttgt3240
ggaagggtgc tcttttacta aataagaaaa taacaaagcc cttattctct tttttcttg3300
tctcattct tgccttgagt tccagttcct ctttggtgta cagacttctt ggtacccagt3360
cacctctgtc ttcagcacc tcataagtcg tcaactaatc acagttttgt acatgtaaca3420
55 ttaaaggcat aatgactca aaaaaaaaa aaaaaaaaa aa 3462

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

60

(A) LÄNGE: 668 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85:

```
20 atagggccgg tgctgcctgc ggaagccggc ggctgagagg cagcgaactc atctttgcca 60
gtacaggagc tcgtgccgtg gcccacagcc cacagcccac agccatgggc tgggacctga120
cgggtgaagat gctggcgggc aacgaattcc aggtgtccct gagcagctcc atgtcggtgt180
cagagctgaa ggcgcagatc acccagaaga tcggcgtgca cgccttcag cagcgtctgg240
ctgtccaccc gagcgggtg ggcgtgcagg acaggggtccc ccttgccagc cagggcctgg300
25 gccccggcag cacggtcctg ctggtggtgg acaaatgcga cgaacctctg agcatcctgg360
tgaggaaataa caagggccgc agcagcacct acgaggtgcg gctgacgcag accgtggccc420
acctgaagca gcaagtgagc gggctggagg gtgtgcagga cgacctgttc tggctgacct480
tcgaggggaa gccctggag gaccagctcc cgctggggga gtacggcctc aagcccctga540
gcaccgtgtt catgaatctg cgcctgcggg gaggcggcac agagcctggc gggcggagct600
30 aagggcctcc accagcatcc gagcaggatc aagggccgga aataaaggct gttgtaaaga660
gaaaaaaa 668
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 671 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86:

```

5 ggaaaccggt ctcattgaac tcgcctgcag ctcttgggtt ttttgtggct tccttcgtta 60
 ttggagccag gcctacaccc cagcaacccat gtccaaggga cctgcagttg gtattgatct 120
 tggcaccacc tactcttgtg tgggtgtttt ccagcacgga aaagtcgaga taattgcca 180
 tgatcagga aaccgaacca ctccaagcta tgcgccttt acggacactg aacggttgat 240
 cggtgatgcc gcaaagaatc aagttgcaat gaacccacc aacacagttt ttgatgcaa 300
10 acgtctgatt ggacgcagat ttgatgatgc tgttgtccag tctgatatga aacattggcc 360
 ctttatgggtg gtgaatgatg ctggcaggcc caaggtccaa gtagaataca agggagagac 420
 caaaagcttc tatccagagg aggtgtcttc tatggttctg acaaagatga aggaaattgc 480
 agaaacctac cttgggaaga ctgttacaa tgcttgtggc cacagtgcc gcttacttta 540
 atgactctca gcgtcaggct accaaaagat gctggagact attgatggc tgcaatgtac 600
15 ttttaggaatt atttaatgga gccaaacttg tgcctggtaa tttctttac gggttgggca 660
 aaaaaagggt t 671

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

## 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1108 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88:

```

 agtggaggag ggagagacgc tggcccggga cccgaggggc gtgggcatcg ggaggcgggc 60
 ccgggttagg ggcgggaccg ccgcctgggt aaaggcgctt atttcccagg cagccgctgc 120
 agtcgccaca cctttgcccc tgctgcgatg acctgtgcgc cacttctgct tcggacgtcc 180
45 ccacggcggc ggtgcaggcg tccctctgc aagcgtaga cttctttggg aatgggccac 240
 cagttaacta caagacaggc aatctatacc tgcgggggcc cctgaagaag tccaatgcac 300
 cgcttgtaa tgtgaccctc tactatgaag cactgtgcgg tggtgccga gccttccctga 360
 tccgggagct cttcccaaca tggtgttg tcatggagat cctcaatgtc acgctgggtc 420
 cctacggaaa cgcacaggaa caaaatgtca gtggcagggt ggagttcaag tgccagcatg 480
50 gtagaagagg gtgcaaatc aacaagggtg aggcctgcgt gttggatgaa cttgacatgg 540
 agctagcctt cctgaccatt gtctgcatgg aagagtttga ggacatggag agaagtctgc 600
 cactatgcct gcagctctac gcccagggc tgctgccaga cactatcatg gagtgtgcaa 660
 tgggggaccg cggcatgcag ctcatgcacg ccaacgcca gcggacagat gctctccagc 720
 caccgcacga gtatgtgcc tgggtcaccg tcaatgggaa acccttgaa gatcagacc 780
55 agctccttac ccttgtctgc cagttgtacc agggcaagaa gccggatgtc tgcccttcc 840

```



```

caaccagctc cctcaggagt gtttgcttca agtgatggcc ggtgagctgc ggagagctca 900
tggaaggcga gtgggaaccc ggctgcctgc ctttttttct gatccagacc ctcggcacct 960
gctacttacc aactggaaaa ttttatgcat cccatgaagc ccagatacac aaaattccac1020
cccatgatca agaatcctgc tccactaaga atgggtgctaa agtaaaacta gtttaataag1080
5 cccaaaaaaa aaaaccgcgt cggtcgac 1108

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 10 (A) LÄNGE: 720 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89:

```

30 aaagcagccg ccggcgccgg gtgcctcaca gcacgctgcc acgccgacgc agaccctct 60
ctgcacgcca gcccgcccg acccaccatg gccacagttc agcagctgga aggaagatgg120
cgccctggtg acagcaaagg ctttgatgaa tacatgaagg agctaggagt gggaatagct180
ttgcgaaaaa tgggcgcaat ggccaagcca gattgtatca tcacttgtga tggtaaaaac240
35 ctaccataa aaactgagag cactttgaaa acaacacagt tttctgtac cctgggagag300
aagtttgaag aaaccacagc tgatggcaga aaaactcaga ctgtctgcaa ctttacagat360
ggtgcattgg ttcagcatca ggagtgggat gggaaggaaa gcacaataac aagaaaattg420
aaagatggga aattagtggg ggagtgtgtc atgaacaatg tcacctgtac tcggatctat480
gaaaaagtag aataaaaatt ccatcatcac tttggacagg agttaattaa gagaatgacc540
40 aagctcagtt caatgagcaa atctccatac tgtttctttc tttttttttt cattactgtg600
ttcaattatc tttatcataa acattttaca tgcagctatt tcaaagtgtg ttggattaat660
taggatcatc cctttggtta ataaataaat gtgtttgtgc taaaaaaaaa aaaaaaaaaa720

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 837 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel
- 50 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90:

15 ctctcgcgag gattggctgt tagcggcggtt gtagttaagc tcgtgtaacg gcggcggtgt 60  
cggcagctgc ttagcggaag agagtttggc gcgatgtctc acaccatttt gctggtacag120  
cctaccaaga gccagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcatg180  
gaagggtgtt gtaaaatgta tgaagaacat ctgaaaagaa tgaatcccaa cagtcctctc240  
atcacatatg acatcagtcg gttgtttgat ttcacgatg atctggcaga cctcagctgc300  
20 ctggtttacc gagctgatac ccagacatac cagccttata acaaagactg gattaaaagag360  
aagatctacg tgctccttcg tcggcaggcc caacaggctg ggaaataatt gtgttgaag420  
cactgggggg gttggggtgg gcttgaaca cagggtgtgta cagcgtgctg tagtggaagt480  
tttgtatcat agtaatcctg tttccacttt gttatactct agccaagatt gactgtatta540  
gatgaaatgt gaggatcttg ttcaatcgga aacccccggt acctcctctt tttctttctc600  
25 tttctttttt tttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaag ttgttcttcg660  
tcacttaatg ttggttccag tccttcaact gtccatatct actttataac attcacatac720  
taacccttct tcaagatggg gtgggggggt gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata780  
aagcttgggt aaaaataaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 837

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 498 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91:

```

gtagggtcag cgctcgaggc ggtagtgacg gtggcgtttc cttgaggaag agtgaggggtt 60
ccaacttttc tgcttatctg ggaggtgttg ggcgcggaca gtcgagatgt cagagaaaaa120
gcagccggtg gacttaggtc tgtagagga agacgacgag tttgaagagt tccctgccga180
5 agactgggct ggcttagatg aagatgaaga tgcacatgtc tgggaggata attgggatga240
tgacaatgta gaggatgact tctctaataca gttacgagct gaactagaga aacatgggta300
taagatggag acttcatagc atccagaaga agtggtgaag taacctaaac ttgacctgct360
taatacattc tagggcagag aaccaggat gggacactaa aaaaatgtgt ttatttcatt420
atctgcttg gattatttgt gtttttgtaa cacaaaaaat aaatgttttg atataaaaag480
10 gaaagagaaa aattgcgg 498

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1077 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92:

```

cggctcgagc tggtaacaac gggcacacgt gtttcacggt gacaggtttg cttgggacgc 60
tagtaaccat gggcttgctg acttagccaa agaagagtta agaagaaaat acacacaagt 120
atcacagactg ttcctagttt cttagactta tctgcatatt ggataaaaata aatgcaattg 180
40 tgctcttcat ttaggatgct ttcattgtct ttaagatgtg ttaggaatgt caacagagca 240
aggagaaaaa aggcagtcct ggaatcacat tcttagcaca cctacacctc ttgaaaatag 300
aacaacttgc agaattgaga gtgattcctt tcctaaaagt gtaagaaagc atagagattt 360
gttcgtattt agaatgggat cacgaggaaa agagaaggaa agtgattttt ttccacaaga 420
tctgtaatgt tatttccact tataaaggaa ataaaaaatg aaaaacatta tttggatatt 480
45 aaaagcaaat aaaaacccaa ttcagtctct tctaagcaaa attgctaaag agagatgaac 540
cacattataa agtaatcttt ggctgtaagg cattttcatt tttccttcgg gttggcaaaa 600
tattttaaag gtaaaacatg ctggtgaacc aggggtgttg atggtgataa gggaggaata 660
tagaatgaaa gactgaatct tcctttgttg cacaaataga gtttggaata agcctgtgaa 720
aggtgtcttc tttgacttaa tgtcttttaa agtatccaga gatactacaa tattaacata 780
50 agaaaagatt atatattatt tctgaatcga gatgtccata gtcaaatttg taaatcttat 840
tcttttgtaa tatttattta tatttattta tgacagtga cattctgatt ttacatgtaa 900
aacaagaaaa gttgaagaag atatgtgaag aaaaatgtat ttttcctaaa tagaaataaa 960
tgatccatt ttttggtaaa aaaaagtatg tgagatttat tcgtaaacgt gactacttta1020
tttctaaata agagattccc tacctgcgtc ctacaagcag ttcagaatgc catgcct 1077
55

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 5 (A) LÄNGE: 1755 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93:

25 cgacgggctg cttgtgatct ggtacgagga ttatgcaagt tttttgaggg acctgtgaca 60  
ggaatcttct ctggttatgt taattccatg ctgcaggaat acgcaaaaaa tccatctgtc 120  
aactggaaac acaagatgac agccatctac ctagtacat ctttggcatc aaaagcccaa 180  
acacagaagc atggaattac acaagcaaat gaacttgtaa acctaactga gttctttgtg 240  
30 aatcacatcc tccttgattt aaaatcagct aatgtgaatg aatttcctgt ccttaagct 300  
gacggtatca aatatattat gatttttaga aatcaagtgc caaagaaca tcttttagtc 360  
tcgattcctc tcttgattaa tcattctcaa gctgaaagta ttgttggtca tacttacgca 420  
gctcatgtc ttgaacggct ctttactatg cgagggccta acaatgccac tctctttaca 480  
gctgcagaaa tcgcacgggt tgttgagatt ctgctaaca accttttcaa agctctcaca 540  
35 cttctgggct cttcagaaaa tgaatatatt atgaaagcta tcattgagaag ttttctctc 600  
ctacaagaag ccataatccc ctacatccct actctcatca ctcagcttac acagaagcta 660  
ttagctgtta gtaagaaccc aagcaaacct cactttaatc actacatgtt tgaagcaata 720  
tgtttatcca taagaataac ttgcaaagct aacctgtctg ctggttgtaa ttttgaggag 780  
gctttgtttt tgggtgtttac tgaatctta caaatgatg tgcaagaatt tattccatac 840  
40 gtctttcaag tgatgtcttt gcttctggaa acacacaaaa atgacatccc gtcttcttat 900  
atggccttat ttctcatct ccttcagcca gtgctttggg aaagaacagg aaatattcct 960  
gctctagtga ggcttcttca agcattctta gaacgcggtt caaacacaat agcaagtgtc1020  
gcagctgaca aaattcctgg gttactagggt gtctttcaga agctgattgc atccaaagca1080  
aatgaccacc aagggtttta tcttctaacc agtataatag agcacatgcc tctgaaatca1140  
45 gttgaccaat ataggaaaca aatcttcatt ctgctattcc agagacttca gaattccaaa1200  
acaaccaagt ttatcaagag ttttttagtc tttattaatt tgtattgcat aaaatatggg1260  
gcactagcac tacaagaaat atttgatggt atacaaccaa aaatggttgg aatggttttg1320  
gaaaaaatta ttattcctga aattcagaag gtatctggaa atgtagagaa aagattctgt1380  
gcggttgcca taaccaaatt actaacagaa tgtcccccac tgatggacac tgagtatacc1440  
50 aaactgtgga ctccattatt acagtcttg attggtcttt ttgagttacc cgaagatgat1500  
accattcctg atgaggaaca ttttattgac atagaagata caccaggata tcagactgcc1560  
ttctcacagt tggcatttgc tgggaaaaaa gagcatgatc ctgtaggtca aatggtgaat1620  
aaccacaaaa ttcacctggc acagtcactt cacaagttgt ctaccgctg tccaggaagg1680  
gttccatcaa tggcaagaa ctctgtgata aatggagact ttaatgggag ggcaaaagg1740  
55 tagtagtagt tctgg 1755

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1545 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94:

```
25 gttcggcgag cgagcacctt cgacgcggtc cggggacccc tcgtcgctgt cctcccgacg 60
 cggaccgggt gccccagggt cgcgctgccc ggcagggtgc tcgtgtccca ctcccggcgc 120
 acgectcccc cgagtccecg gccctctccc cgccctctt ctcggcgcg cgcgagatgg 180
 gcgccccgcg aggtcctcgc gttcgggctt ctgcttgccg cggcgacggc gacttttgcc 240
 gcagctcagg aagaatgtgt ctgtgaaac tacaagctgg ccgtaaactg ctttgtgaat 300
30 aataatcgtc aatgccagtg tacttcagtt ggtgcacaaa atactgtcat ttgctcaaa 360
 ctggctgcca aatgtttggt gatgaaggca gaaatgaatg gctcaaaact tgggagaaga 420
 gcaaaacctg aaggggccct ccagaacaat gatgggcttt atgacctga ctgcgatgag 480
 agcgggctct ttaaggccaa gcagtgcac ggacacctca tgtgctggtg tgtgaacact 540
 gctgggggtc gaagaacaga caaggacact gaaataacct gctctgagcg agtgagaacc 600
35 tactggatca tcattgaact aaaacacaaa gcaagagaaa aaccttatga tagtaaaagt 660
 ttgcggactg cacttcagaa ggagatcaca acgcgttatc aactggatcc aaaatttatc 720
 acgagtattt tgtatgagaa taatgttatc actattgatc tggttcaaaa ttcttctcaa 780
 aaaactcaga atgatgtgga catagctgat gtggcttatt atttgaaaa agatgttaaa 840
 ggtgaatcct tgtttcatc taagaaaatg gacctgacag taaatgggga acaactggat 900
40 ctggatcctg gtcaaaactt aatttattat gttgatgaaa aagcacctga attctcaatg 960
 cagggctctaa aagctggtgt tattgctggt attgtggtt tggatagac agttgttgct 1020
 ggaattgttg tgctggttat ttccagaaa aagagaatgg caaagtatga gaaggctgag 1080
 ataaaggaga tgggtgagat gcatagggaa ctcaatgcat aactatataa tttgaagatt 1140
 atagaagaag ggaaatagca aatggacaca aattacaaat gtgtgtgcgt gggacgaaga 1200
45 catctttgaa ggtcatgagt ttgttagttt aacatcatat atttgtaata gtgaaacctg 1260
 tactcaaaat ataagcagct tgaaactggc tttaaccaat ttgaaatttg accacaagtg 1320
 tcttatatat gcagatctaa tgtaaaatcc agaacttga ctccatcggt aaaattat 1380
 atgtgtaaca ttcaaatgtg tgcattaaat atgcttcac agtaaaatct gaaaaactga 1440
 tttgtgattg aaagctgcct ttctatttac ttgagctctg tacatacata cttttttatg 1500
50 agctatgaaa taaaacattt taaactgaaa aaaaaaaaaa aaggc 1545
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1133 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95:

gcgcggtatt atcgggtaga catctcgcac cgcgtctcgg aaaccggtag cgcttgcagc 60  
 atggctgacc aactgactga agagcagatt gcagaattca aagaagcttt ttcactatct 120  
 gacaaagatg gtgatggaac tataacaaca aaggaattgg gaactgtaat gagatctctt 180  
 25 gggcagaatc ccacagaagc agagttacag gacatgatta atgaagtaga tgctgatggg 240  
 aatggcacia ttgaacttcc ctgaatttct ggacaaggat ggcaagaaaa atgaaagaca 300  
 cagacagtga agaagaaatg agagaagcat tccgtgtgtt tgataaggat ggcaagggct 360  
 atatgagtgc tgcagaactt cgccatgtga tgacaaacct tggagagaag ttaacagatg 420  
 aagaagttaga tgaatgatc agggaagcag atattgatgg tgatgggtcaa gtaactatg 480  
 30 aagagtttgg acaaatgatg acagcaaagt gaagaccttg tacagaatgt gttaaatttc 540  
 ttgtacaaaa ttgtttatct gccttttctt tgtttgtaac ttatctgtaa aaggtttctc 600  
 cctactgtca aaaaaatatg catgtatagt aattaggact tcattcctcc atgttttctt 660  
 cccttatctt actgtcattg tcctaaaacc ttattttaga aaagttgatc aaggtaacat 720  
 gttgcatgtg gcttactctg gggaaatata taagcccttc tgcacatcta aacttagatg 780  
 35 gagttgggtca aatgagggaa catctgggtt atgccttttt taaagtagtt ttcttttaga 840  
 actgtcagca tgttggtgtt gaagtgtgga gttgtaactc tgcgtggact atggacagtc 900  
 aacaatatgt acttaaaagt tgcaactatt caaaacgggt gtattatcca ggtactcgta 960  
 cactattttt ttgtactgct ggtcctgtac cagaaacatt ttcttttatt gttacttgct 1020  
 40 ttttaaaactt ggttttagcca cttaaaatct gcttatggca caatttgccc caaaatccat 1080  
 tccaagttgt atatttggtt tccaataaaa aaattacaat ttacccaaaa aaa 1133

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

45

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 791 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96:

```

gcccgcgcgc cggacccggc gagaggcggc ggccgggagcg gcgggtgatgg acgggtccgg 60
ggagcagccc agaggcgggg ggcccaccag ctctgagcag atcatgaaga caggggccct120
15 ttgcttcag ggtttcatcc aggatcgagc agggcgaaatg gggggggagg caccgcagct180
ggccctggac ccggtgcctc aggatgcgtc caccaagaag ctgagcgagt gtctcaagcg240
catcggggac gaactggaca gtaacatgga gctgcagagg atgattgccg ccgtggacac300
agactcccc cgagaggtct ttttccgagt ggcagctgac atgttttctg acggcaactt360
caactggggc cgggttgctg cccttttcta ctttgccagc aaactgggtg tcaaggccct420
20 gtgcaccaag gtgccggaac tgatcagaac catcatgggc tggacattgg acttcctccg480
ggagcggctg ttgggctgga tccaagacca ggggtggttg gacggcctcc tctcctactt540
tgggacgccc acgtggcaga ccgtgacat ctttggtggc ggagtgtctc ccgcctcact600
caccatctgg aagaagatgg gctgaggccc ccagctgcct tggactgtgt ttttctcca660
taaattatgg catttttctg ggaggggtgg ggattggggg acatgggcat ttttcttact720
25 tttgtaatta ttggggggtg tggggaagag tggtcttgag ggggtaataa acctccttcg780
ggacacaaaa a 791

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 599 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97:

```

tcctgccttc accatgaagt ccagcggcct cttcccttc ctggtgctgc ttgccctggg 60
aactctggca ccttgggctg tggaaggctc tggaaagtcc ttcaaagctg gagtctgtcc120

```

tcctaagaaa tctgcccagt gccttagata caagaaacct gagtgccaga gtgactggca180  
 gtgtccaggg aagaagagat gttgtcctga cacttgtggc atcaaatgcc tggatcctgt240  
 tgacacccca aacccaacaa ggaggaagcc tgggaagtgc ccagtgactt atggccaatg300  
 tttgatgctt aacccccca atttctgtga gatggatggc cagtgcaagc gtgacttgaa360  
 5 gtgttgcatg ggcattgtgt ggaaatcctg cgtttccct gtgaaagctt gattcctgcc420  
 atatggagga ggcctctggag tctgtctctg tgtgggccag gtcctttcca ccctgagact480  
 tggctccacc actgatatcc tctttgggg aaaggcttg cacacagcag gctttcaaga540  
 agtgccagtt gatcaatgaa taaataaacg agcctatttc tctttgcaaa aaaaaaaaa 599

10

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 643 Basenpaare  
 15 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

### 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98:

35 gggcccgcg ctcgggcgta ggaggcggtg cctctgcagc aagcgtgggg cgcgggaacc 60  
 cgagcaggac tctccagtcc tcagtcacct tggacaaaga agtggtggtc ctcagattcc120  
 atcttttcca actccaaggt gccatggcag agaagggtgct ggtaacaggt ggggctggct180  
 acattggcag ccacacgggt ctggagctgc tggaggctgg ctacttgctt gtggctcatc240  
 ataacttcca taatgccttc cgtggagggg gctccctgcc tgagagcctg cggcggttcc300  
 40 aggagctgac aggcgctctt gtggagtttg aggagatgga cattttggac caggagagccc360  
 tacagcgtct cttcaaaaag tacagcttta tggcgggtcat ccactttgcg gggctcaagg420  
 ccgtgggcca gtcggtgcag aagcctctgg attattacag agttaacctg accgggacca480  
 tccagcttct ggagatcatg aaggcccacg gggggaagaa cctgggtgtc agcagctcag540  
 ccactgtgta cggaacccc cagtacctgc ccccttgaat gagggccacc ccacggggtg600  
 45 ggatgtaaca accttacgga agtccaaatt tctttatctt ttc 643

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

### 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 860 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99:

```

ctcgagccgc tcgagccgat tcggtctgag tgcctccaga ggactggcca catTTTgcct 60
agataaagat gcacttagag atgaatatga tgatctctca gatttgaatg cagtacaaat120
20 ggagagtgtt cgagaatggg aaatgcagtt taaagaaaaa tatgattatg taggcagact180
cctaaaacca ggagaagaac catcagaata tacagatgaa gaagatacca aggatcacaa240
taaacaggat tgaactttgt aaacaaccaa agtcaggggc cttcagaact gcaattctta300
ctccctttca cagactgtcc ggagtctttg ggTTtgattc acctgctgcg aaaaacattc360
aacaaattgt gtacaagata aattaatctc actatgaaga tttgaataac tagacattat420
25 ttatgctgcc aaactcattt gttgcagttg tttgtaatgt ctagtggggc ttcacatcc480
tgaaaagaag gagacagggg tttttttaa gagcaagaaa gtcacaatat tacttctttc540
cttccttttt tccttctttc ctttcttctt tctctttctt tcttttttaa atatattgaa600
gacaaccaga tatgtatttg ctactcaagt gtacagatct cctcaagaaa catcaaggga660
ctcctgtgtc acatactgtg tttttatttt aacatgggtg agggaggcga cctgatcagg720
30 ggagggtggg gtacacatca atttgagttg ttcaggctac tgaaacatta aaatgtgaat780
tcccaaactt ttcttttttg cattgttcgg gggataggga aatatcgttt ttaaaggagt840
cttggaatt gggtgtggga 860

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1155 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100:

```

5 cggggctcgc ccagcctggt ccggggagag gactggctgg gcaggggcgc cgccccgect 60
 cgggagaggg gggccgggcg gggctgggag tatttgaggc tcggagccac cgccccgccc 120
 gcgcccgcag cacctcctcg ccagcagccg tccggagcca gccaacgagc ggaaaaatggc 180
 agacaatttt tcgctccatg atgcgttatc tgggtctgga aacccaaacc ctcaaggatg 240
 gcctggcgca tgggggaacc agcctgctgg ggcagggggc taccagggg ctctctatcc 300
10 tggggcctac ccggggcagg caccgccagg ggcttatcct ggacaggcac ctccaggcgc 360
 ctaccctgga gcacctggag cttatcccg agcacctgca cctggagtct acccagggcc 420
 acccagcggc cctggggcct acccatcttc tggacagcca agtgccaccg gaggcctacc 480
 tgccactggc ccctatggcg cccctgctgg gccactgatt gtgccttata acctgccttt 540
 gcctggggga gtggtgcctc gcatgctgat aacaattctg ggcacggtga agcccaatgc 600
15 aaacagaatt gctttagatt tccaaagagg gaatgatgtt gccttccact ttaaccacag 660
 cttcaatgag aacaacagga gagtcattgt ttgcaatata aagctggata ataactgggg 720
 aaggaagaa agacagtcgg ttttccatt tgaaagtgg aaaccattca aaatacaagt 780
 actggttgaa cctgaccact tcaaggttgc agtgaatgat gctcacttgt tgcagtacaa 840
 tcacggtgtt aaaaaactca atgaaatcag caaactggga atttctggtg acatagacct 900
20 caccagtgtc tcataatacca tgatataatc tgaaaggggc agattaaaaa aaaaaaaaaga 960
 atctaaacct tacatgtgta aaggtttcat gttcactgtg agtgaaaatt ttacattcal 1020
 tcaatatccc tcttgaagt catctactta ataaatatta cagtgaaaaa aaaaaaaaaa 1080
 aaaaaaaaaa gtcgaaaaag gagggggaag gagagagagg gaagaagaga gaggagaagg 1140
 aggggggggg tgggt 1155

```

25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 522 Basenpaare

30

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101:

```

50 aaaaatattt gctggaaatt gctgtgtagg attacaggcg tgaccactgc gcccgccac 60
 attcagttct tatcaaagaa ataaccaga cttaattctg aatgatacga ttatgcccaal 120
 tattaagtaa aaaatataag aaaaggttat cttaaataga tcttaggcaa aataccagct 180
 gatgaaggca tctgatgcct tcactctgtc agtcatctcc aaaaacagta aaaataacca 240
 ctttttgttg ggcaatatga aatttttaaa ggagtagaat accaaatgat agaaacagac 300
55 tgctgaatt gagaattttg atttcttaaa gtgtgtttct ttctaaattg ctgttcctta 360

```

atttgattaa ttttaattcat gtattatgat taaatctgag gcagatgagc ttacaagtat420  
tgaaataatt actaattaat cacaaatgtg aagttatgca tgatgtaaaa aatacaaaaca480  
ttctaattaa aggccttgca acacaaaaaa aagaaaaaaa aa 522

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1628 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102:

ccagctcgcc ctgcctagcc agggggcgccc cgccccctgc ctgcccggcc accttcggga 60  
30 gccgcttcca ataggcgctt gccattggct ctggcgacct ccgcgcgttg ggaggtgtag 120  
cgcggtctctg aacgcgctga gggccgttga gtgtcgcagg cggcgagggc gcgagttagg 180  
agcagaccca ggcacgcgcg gccgagaagg ccgggcgtcc ccacactgaa ggtccggaaa 240  
ggcgacttcc gggggctttg gcacctggcg gacctcccgc ggcgctcgcc acctgaacgc 300  
gaggcgctcc attgcgcgtg cgcgttgagg ggcttcccgc acctgatcgc gagaccccaa 360  
35 cggtcggttg cgtcgctgc gcgtctcgcc tgagctggcc atggcgagc gtgcgggctg 420  
aggcgagcgc ggcgtttctc gccctgctgg gatcgtgct cctctctggg gtccctggcg 480  
ccgaccgaga acgcagcatc cagacttct gcctgggtgc gaagggtggg ggcagatgcc 540  
gggcctccat gcctaggtag tggtaaatg tcaactgacg atcctgccag ctgtttgtgt 600  
atgggggctg tgacggaaac agcaataatt acctgaccaa ggaggagtgc ctcaagaaat 660  
40 gtgccactgt cacagagaat gccacgggtg acctggccac cagcaggaat gcagcggatt 720  
cctctgtccc aagtgtccc agaaggcagg attctgaaga ccactccagc gatatgttca 780  
actatgaaga atactgcacc gccaacgcag tcaactgggc ttgccgtgca tccttcccac 840  
gctgtgactt tgacgtggag aggaactcct gcaataactt catctatgga ggctgccggg 900  
gcaataagaa cagctaccgc tctgaggagg cctgcatgct ccgctgcttc cgccagcagg 960  
45 agaatcctcc cctgccccctt ggctcaaagg tgggtggtct ggcgggggctg ttctgtgatgg1020  
tggtgatcct ctctctggga gcctccatgg tctacctgat ccgggtggca cggaggaacc1080  
aggagcgtgc cctgcgcacc gtctggagct ccggagatga caaggagcag ctggtgaaga1140  
acacatatgt cctgtgaccg ccctgtcgcc aagaggactg gggaaaggag gggagactat1200  
gtgtgagctt tttttaata gagggattga ctcgatttg agtgatcatt agggctgagg1260  
50 tctgtttctc tgggaggtag gacggctgct tcctggtctg gcagggatgg gtttgctttg1320  
gaaatcctct aggaggctcc tcctcgcatg gectgcagtc tggcagcagc cccgagttgt1380  
ttcctcgctg atcgatttct ttctccagg tagagtttct tttgcttatg ttgaattcca1440  
ttgctctttt tctcatcaca gaagtgtgt tggaatcggt tcttttggtt gtctgattta1500  
tgggtttttt aagtataaac aaaagttttt tattagcatt ctgaaagaag gaaagtaaaa1560  
55 tgtacaagtt taataaaaag gggccttccc ctttagaata aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1620  
aaaaaaaaa 1628

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 5 (A) LÄNGE: 605 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103:

25 cctggcagct gtcggctgga aggaactggt ctgctcacac ttgctggctt gcgcacagg 60  
actggcttta tctcctgact cacggtgcaa aggtgcactc tgcgaacgtt aagtcctcc120  
ccagcgcttg gaatcctacg gcccccacag ccgatcccc tcagccttcc aggtcctca180  
ctcccgcgga cgctgaacaa tggcctccat ggggctacag gtaatgggca tcgcgctggc240  
30 cgtcctgggc tggctggccg tcagtctgtg ctgcgcgctg cccatgtggc gcgtgacggc300  
cttcacggc agcaacattg tcacctcgca gaccatctgg gagggcctat ggatgaactg360  
cgtggtgcag agcaccggcc agatgcagt caaggtgtac gactcgctgc tggcactgcc420  
gcaggacctg caggcggccc gcgccctcgt catcatcagc atcatcgtgg ctgctctggg480  
cgtgctgctg tccgtggtgg ggggcgaagt gtaacaaact tgcctggagg attaaaagcg540  
35 ccaagggcaa gaacatgatt cgttggcggg cgtgggtgtt tctgtttggg ccggccta600  
gggtg 605

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 2731 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105:

```

10 aggggggcg acagacacag actatgcaga tgggagtga gacaaagtag tagaagtagc 60
 agaggaggaa gaagtggctg aggtggagga cgatgaggat ggtgatgagg tagaggaaga 120
 ggctgaggaa ccctacgaag aagccacaga gagacacaga gtctgtggaa gaggtggttc 180
 gagaggtgtg ctctgaacaa gccgagacgg ggccgtgccg agcaatgac tcccgtggt 240
 actttgatgt gactgaaggg aagtgtgccc cattctttta cggcggatgt ggcggcaacc 300
15 ggaacaactt tgacacagaa gactactgca tggccgtgtg tggcagcgcc attcctacaa 360
 cagcagccag taccctgat gccgttgaca agtatctcga gacacctggg gatgagaatg 420
 aacatgccca tttccagaaa gccaaagaga ggcttgaggc caagcaccga gagagaatgt 480
 cccaggtcat gagagaatgg gaagaggcag aacgtcaagc aaagaacttg cctaaagctg 540
 ataagaaggc agttatccag catttccagg agaaagtggg atctttggaa caggaaagcag 600
20 ccaacgagag acagcagctg gtggagacac acatggccag agtggaaagg atgtcfaatg 660
 accgccgccc cctggccctg gagaactaca tcaccgctct gcaggctgtt cctcctcggc 720
 ctgctcacgt gttcaatatg ctaaagaagt atgtccgcgc agaacagaag gacagacagc 780
 acaccctaaa gcatttcgag catgtgcgca tgggtggatcc caagaaaggc gctcagatcc 840
 ggtcccaggt tatgacacac ctccgtgtga tttatgagcg catgaatcag tctctctccc 900
25 tgctctacaa cgtgcctgca gtggccgagg agattcagga tgaagtgtat gagctgcttc 960
 agaaagagca aaactattca gatgacgtct tggccaacat gattagtga ccaaggatca1020
 gttacggaaa cgatgctctc atgccatctt tgaccgaaac gaaaaccacc gtggagctcc1080
 tcccgtgaa tggagagttc agcctggacg atctccagcc gtggcattct tttggggctg1140
 actctgtgcc agccaacaca gaaaacgaag ttgagcctgt tgatgcccgc cctgctgccg1200
30 accgaggact gaccactcga ccaggttctg ggttgacaaa tatcaagacg gaggagatct1260
 ctgaagtga gatggatgca gaattccgac atgactcagg atatgaagt catcatcaaa1320
 aattggtgtt ctttgcagaa gatgtgggtt caaacaagg tgcaatcatt ggactcatgg1380
 tggcggtgt tgctatagcg acagtgcgc tcatcacctt ggtgatgctg aagaagaaac1440
 agtacacatc cattcatcat ggtgtggtgg aggttgacgc cgctgtcacc ccagaggagc1500
35 gccacctgtc caagatgcag cagaacggct acgaaaatcc aacctacaag tcttttgagc1560
 agatgcagaa ctgaccccc gccacagcag cctctgaagt tggacagcaa aaccattgct1620
 tcaactacca tcggtgtcca tttatagaat aatgtgggaa gaaacaaacc cgttttatga1680
 tttactcatt atcgcccttt gacagctgtg ctgtaacaca agtagatgcc tgaactgaal1740
 ttaatccaca catcagtaat gtattctatc tctctttaca ttttggctc tatactacat1800
40 tattaatggg ttttgtgtac tgtaaagaat ttagctgtat caaactagt catgaataga1860
 ttctctcctg attatttacc acatagcccc ttagccagtt gtatattatt cttgtggttt1920
 gtgacccaat taagtcttac ttacatatg ctttaagaat cgatggggga tgcttcatgt1980
 gaacgtggga gttcagctgc ttctcttgcc taagtattcc tttcctgac actatgcatt2040
 ttaaagttaa acatttttaa gtatttcaga tgccttagag agattttttt tccatgactg2100
45 cattttactg tacagattgc tgcttctgct atatttgtga tataggaatt aagaggatac2160
 acacgtttgt ttctctgtgc ctgttttatg tgcacacatt aggcattgag acttcaagct2220
 tttctttttt tgtccacgta tctttgggtc tttgataaag aaaagaatcc ctgttcattg2280
 taagcacttt tacggggcgg gtggggaggg gtgctctgct ggtcttcaat taccaagaat2340
 tctccaaaac aattttctgc aggatgattg tacagaatca ttgcttatga catgatcgct2400
50 ttctacactg tattacataa ataaattaaa taaaataacc ccgggcaaga cttttctttg2460
 aaggatgact acagacatta aataatcgaa gtaattttgg gtggggagaa gaggcagatt2520
 caattttctt taaccagtct gaagtctcat ttatgataca aaagaagatg aaatgggaag2580
 tggcaatata aggggatgag gaaggcatgc ctggacaaac ccttctttta agatgtgtct2640
 tcaatttgta taaaatggtg ttttcatgta aataaatata ttcttgagg agccaaaaaa2700
55 aactatatta ctggcagggt tataatatgg c 2731

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2194 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106:

```
gaattcagaa gttaatgatg ttgggtaaga gaacaatggt aagagagcaa tctaagaata 60
tatcacctac ttttaatttta tatgagagta catggaggta gctgtgatgt ggaaatgtag 120
cactgctcct acccacgcag atttattcca gtgaaacaac aactggaact tcaagtaact 180
25 cctcccagag tacttccaac tctgggttgg ccccaaatcc aactaatgcc accaccaagg 240
cggctgggtg tgccctgcag tcaacagcca gtctcttcgt ggtctcactc tctcttctgc 300
atctctactc ttaagagact caggccaaga aacgtcttct aaatttcccc atcttctaaa 360
cccaatccaa atggcgtctg gaagtccaat gtggcaagga aaaacagggtc ttcatacgat 420
ctactaatte cacacctttt attgacacag aaaatggtga gaatcccaa tttgattgat 480
30 ttgaagaaca tgtgagagggt ttgactagat gatggatgcc aatattaaat ctgctggagt 540
ttcatgtaca agatgaagga gaggaacat ccaaaatagt taagacatga tttccttgaa 600
tgtggcttga gaaatatgga cacttaatac taccttgaaa ataagaatag aaataaagga 660
tgggattgtg gaatggagat tcagttttca tttggttcat taattctata aggccataaa 720
acaggttaata taaaaagctt ccatgattct atttatatgt acatgagaag gaacttccag 780
35 gtgttactgt aattcctcaa cgtattgttt cgacagcact aatttaatgc cगतatactc 840
tagatgaagt tttacattgt tgagctattg ctgttctctt gggaactgaa ctcactttcc 900
tcctgaggct ttggatttga cattgcattt gaccttttat gtagtaattg acatgtgcca 960
gggcaatgat gaatgagaat ctacccccag atccaagcat cctgagcaac tcttgattat 1020
ccatattgag tcaaatggta ggcatttctt atcacctggt tccattcaac aagagcacta 1080
40 cattcattta gctaaacgga ttccaaagag tagaattgca ttgaccgcga ctaatttcaal 1140
aatgcttttt attattatta ttttttagac agtctcactt tgtcgcccag gccggagtgc 1200
agtgtgtcga tctcagatca gtgtaccatt tgccctcccg gctcaagcga ttctcctgcc 1260
tcagcctccc aagtagctgg gattacagggc acctgccacc atgcccggct aatttttgtal 1320
attttagtag agacagggtt tcaccatggt gcccaggctg gtttcgaact cctgacctca 1380
45 ggtgatccac ccgcctcggc ctcccaaagt gctgggatta caggcttgag ccccccgcgc 1440
cagccatcaa aatgcttttt atttctgcat atgttgaata ctttttcaaa tttaaaaaaa 1500
tgatctgttt tgaaggcaaa attgcaaatc ttgaaattaa gaaggcaaaa atgtaaagg 1560
gtcaaaacta taaatcaagt atttggaag tgaagactgg aagctaattt gcattaaatt 1620
cacaaacttt tatactcttt ctgtatatac atttttttct tttaaaaaac aactatggat 1680
50 cagaatagcc acatttagaa cactttttgt tatcagtcaa tatttttaga tagttagaac 1740
ctggtcctaa gcctaaaagt gggcttgatt ctgcagtaaa tcttttcaaa ctgcctcgac 1800
acacataaac ctttttaaaa atagacactc ccgaagtct tttgttcgca tggtcacaca 1860
ctgatgctta gatgttcag taatctaata tggccacagt agtcttgatg accaaagtc 1920
tttttttcca tcttttagaaa actacatggg aacaaacaga tcgaacagtt ttgaagctac 1980
55 tgtgtgtgtg aatgaacact cttgttttat tccagaatgc tgtacatcta ttttgattg 2040
tatattgtgt ttgtgtattt acgctttgat tcatagtaac ttcttatgga attgatttgc 2100
attgaacaca aactgtaaat aaaaagaaat ggctgaaaga gcaaaaaaaa aggaaagaaa 2160
aaagaaaaaa aaaagaaaaa aaaaaggggg aggc 2194
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 5 (A) LÄNGE: 1812 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107:
- 25
- |               |             |             |             |            |            |      |
|---------------|-------------|-------------|-------------|------------|------------|------|
| cggaaggtgg    | accttgatg   | aattttgacg  | agaacaagtt  | cgtggaccga | agaagatggg | 60   |
| ggccgcacgc    | ccaggcccg   | gccccgacga  | ggccgaggtg  | gacacctgcc | ccctgcgcaa | 120  |
| aggaaacatg    | aaacagacc   | tacaggcagc  | tctgaagaac  | ccccctatca | acaccaagag | 180  |
| tcaggcagtg    | aaggaccggg  | caggcagcat  | tgtcttgaag  | gtgctcatct | cttttaaagc | 240  |
| 30 taatgatata | gaaaaggcag  | ttcaatctct  | ggacaagaat  | ggtgtggatc | tcctaataaa | 300  |
| gtatatattat   | aaaggatttg  | agagcccgtc  | tgacaatagc  | agtgtctatg | tactgcaatg | 360  |
| gcattgaaaag   | gcacttgctg  | ctggaggagt  | aggggtccatt | gttcgtgtct | tgactgcaag | 420  |
| aaaaactgtg    | tagtctggca  | ggaagtggat  | tatctgcctc  | gggagtggga | attgctggta | 480  |
| caaagaccaa    | aacaaccaaa  | tgccaccgct  | gccctgtggg  | tagcatctgt | ttctctcagc | 540  |
| 35 tttgccttct | tgctttttca  | tatctgtaaa  | gaaaaaaatt  | acatatcagt | tgccctttaa | 600  |
| tgaaaattgg    | gataatatag  | aagaaattgt  | gttaaaatag  | aagtgtttca | tcctttcaaa | 660  |
| accatttcag    | tgatgtttat  | accaatctgt  | atatagtata  | atttacattc | aagttaatt  | 720  |
| gtgcaacttt    | taaccctgt   | tggctgggtt  | tttgttctgt  | tttgttttgt | attattttta | 780  |
| actaatactg    | agagatttgg  | tcagaatttg  | aggccagttt  | cctagctcat | tgctagtcag | 840  |
| 40 gaaatgatat | ttataaaaaa  | tatgagagac  | tggcagctat  | taacattgca | aaactggacc | 900  |
| atatttcctt    | tatttaataa  | gcaaaatatg  | tttttggaat  | aagtgggtgg | tgaataccac | 960  |
| tgccaagtta    | tagctttgtt  | tttgcttgcc  | tcctgattat  | ctgtactgtg | ggtttaagta | 1020 |
| tgctactttc    | tctcagcatc  | caataatcat  | ggccccctca  | tttattttgt | gtcaccaggc | 1080 |
| gttcagagca    | agaagtcttg  | ctttatacaa  | atgtatccat  | aaaatatcag | agcttggtgg | 1140 |
| 45 gcatgaacat | caaacttttg  | ttccactaat  | atggctctgt  | ttggaaaaaa | ctgcaaatca | 1200 |
| gaaagaatga    | tttgcagaaa  | gaaagaaaaa  | ctatgggtga  | atttaaactc | tgggcagcct | 1260 |
| ctgaatgaaa    | tgctactttc  | tttagaataa  | taatagctgc  | cttagacatt | atgaggtata | 1320 |
| caactagtat    | ttaagatacc  | atttaatatg  | ccccgtaaat  | gtcttcagtg | ttcttcaggc | 1380 |
| tagttgggat    | ctcaaaaagat | ttggttcaga  | tcacaaacaa  | tacacattct | gtgttttagc | 1440 |
| 50 tcagtgtttt | ctaaaaaaag  | aaactgccac  | acagcaaaaa  | attgtttact | ttgttgagac | 1500 |
| aaccaaatca    | gttctcaaaa  | aatgaccggt  | gcttataaaa  | agttataaat | atcgagttag | 1560 |
| tctaaaaaaa    | accacctgac  | caagagggaa  | gtgagcttgt  | gcttagtatt | tacattggat | 1620 |
| gccagttttg    | taatcactga  | cttatgtgca  | aactgggtgca | gaaattctat | aaactctttg | 1680 |
| ctgtttttga    | tacctgcttt  | ttgttttcatt | ttgtttttgt  | ttgtaaaaat | gataaaaact | 1740 |
| 55 cagaaaaata | aatgtcagtg  | ttgaataaaa  | taaaaaaaca  | aattgaagaa | gaggatggag | 1800 |
| atttcgactt    | gg          |             |             |            |            | 1812 |

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 890 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108:

```

aacgactcct ggtaccttgc tcccattact tcccgttttc tcgatctgct gctcgtctca 60
ggctcgtagt tcgccttcaa catgccggaa ccagcgaagt ccgctcccgc gcccaagaag120
ggctcgaaga aagccgtgac taaggcgacg aagaaggacg gcaagaagcg caaggcagcc180
30 gcaaggagag ctactccgta tacgtgtaca aggtgctgaa gcagggtccac cccgacaccg240
gcatctcctc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacgacatc ttcgaacgca300
tcgcgggtga ggcttcccgc ctggcgcatc acaacaagcg ctgaccatc acctccagg360
agatccagac gcccggtgag ctgctgctgc ccggggagtt ggccaagcac gccgtgtccg420
agggcaccac gcccgtcacc aagtacacca gcgctaagta aacttgccaa ggagggactt480
35 tctctggaat ttcctgatat gaccaagaaa gcttcttctc aaaagaagca caattgcctt540
cggttacctc attatctact gcagaaaaga agacgagaat gcaaccatac ctgatggac600
ttttccacaa gctaaagctg gcctcttgat ctcatcaga ttccaaagag aatcatttac660
aagttaattt ctgtctcctt ggtccattcc ttctctctaa taatcattta ctgttctc720
aagaattgtc tacattaccc atctcctctt ttgcctctga gaaagagtat ataagcttct780
40 gtacccactc ggggggttgg ggtaatatc ttgtgtctc agccctgtac cttaataaat840
ttgtatgcct tttctcttaa aaaaaaaaaa aagaagaagg aagaggatgc 890

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 2627 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA



(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110:

```

15 ggcacgagat gtgaaaaggt tttgtgtaca ccacctccaa aaataaaaaa tggaaaacac 60
 accttttagtg aagtagaagt atttgagtat cttgatgcag taacttatag ttgtgatcct 120
 gcacctggac cagatccatt ttcacttatt ggagagagca cgattttattg tgggtgacaat 180
 tcagtgtgga gtctgtctgc tccagagtgt aaagtgggtca aatgtcgatt tccagtagtc 240
 gaaaatggaa aacagatatac aggatttggg aaaaaatttt actacaaaagc aacagttatg 300
 tttgaatgcg ataagggttt ttacctcgat ggcagcgaca caattgtctg tgacagtaac 360
20 agtacttggg atccccagat tccaaagtgt cttaaaagtgt cgacttcttc cactacaaaa 420
 tctccagcgt ccagtgcctc aggtcctagg cctacttaca agcctccagt ctcaaattat 480
 ccaggatatac ctaaacctga ggaaggaata cttgacagtt tggatgtttg gggtcattgct 540
 gtgattgtta ttgccatagt tgttggagtt gcagtaattt gtgttgtccc gtacagatat 600
 cttcaaagga ggaagaagaa agggaaagca gatggtggag ctgaatatgc cacttaccag 660
25 actaaatcaa ccactccagc agagcagaga ggctgaatag attccacaac ctgggtttgcc 720
 agttcatctt ttgactctat taaaatcttc aatagtgttt attctgtagt ttcactctca 780
 tgagtgcacac tgtggcttag ctaatatattgc aatgtggctt gaatgtaggt agcatccttt 840
 gatgcttctt tgaaccttgt atgaatttgg gtatgaacag attgcctgct ttcctttaa 900
 taacacttag atttattgga ccagtcagca cagcatgcct gggtgtatta aagcagggat 960
30 atgctgtatt ttataaaatt ggcaaaatta gagaaatata gttcacaaatg aaattatatt 1020
 ttctttgtaa agaaagtggc ttgaaatctt ttttgttcaa agattaatgc caactcttaal 1080
 gattattctt tcaccaacta tagaatgtat tttatatatc gttcattgta aaaagccctt 1140
 aaaaatatgt gtatactact ttggctcttg tgcataaaaa caagaacact gaaaattggg 1200
 aatatgcaca aacttggctt ctttaaccaa gaattatttt ggaaaattct ctaaaagtta 1260
35 atagggtaaa ttctctatatt tttgtaatgt gttcgggtgat ttcagaaaagc tagaaagtgt 1320
 atgtgtggca tttgttttca ctttttaaaa catccctaac tgatcgaata tatcagtaat 1380
 ttcagaatca gatgcacctt ttcataagaa gtgagaggac tctgacagcc ataacaggag 1440
 tgccacttca tgggtcggaag tgaacactgt agtcttggtt ttttcccaa gagaactccg 1500
 tatgttctct taggttgagt aacccactct gaattctggt tacatgtgtt tttctctccc 1560
40 tccttaaata aagagagggg ttaaaccatgc cctctaaaag taggtgggtt tgaagagaat 1620
 aaattcatca gataacctca agtcacatga gaattctagt ccattttacat tgccttggct 1680
 agtaaaagcc atctatgtat atgtcttacc tcatctccta aaaggcagag tacaaaagta 1740
 gccatgtatc tcaggaaggt aacttcattt tgtctatttg ctgttgattg taccaaggga 1800
 tggaaagaagt aaatatagct caggtagcac tttatactca ggcagatctc agccctctac 1860
45 tgagtccctt agccaagcag tttctttcaa agaagccagc aggcgaaaag cagggactgc 1920
 cactgcattt catatcacac tgttaaaagt tgtgttttga aattttatgt ttagttgcac 1980
 aaattgggccc aaagaaacat tgccttgagg aagatatgat tggaaaatca agagtgtaga 2040
 agaataaata ctgttttact gtccaaagac atgttttatag tgctctgtaa atgttcctt 2100
 cctttgtagt ctctggcaag atgcttttagg aagataaaaag tttgaggaga acaaacagga 2160
50 attctgaatt aagcacagag ttgaagttaa tacccgtttc acatgctttt caagaatgtc 2220
 gcaattacta agaagcagat aatgggtgtt tttagaaacc taattgaagt atattcaacc 2280
 aaatacttta atgtataaaa taaatattat acaatatact tgtatagcag tttctgcttc 2340
 acatttgatt ttttcaaatt taatatttat attagagatc tatatatgta taaatatgta 2400
 ttttgcataa tttgttactt aaatatatag agaccagttt tctctggaag tttgtttaaa 2460
55 tgacagaagc gtatatgaat tcaagaaaat ttaagctgca aaaatgtatt tgctataaaa 2520
 tgagaagtct cactgataga ggttctttat tgctcatttt ttaaaaaatg gactcttgaa 2580
 atctgttaaa ataaaattgt acatttggaa aaaaaaaaaa gccaaaaa 2627

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 976 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111:

```

25 ctcgagccgc gagattcccc cgaagttctc catgaagcgc ctcaccgccc gcctcatcgc 60
 cgatcatcgtg gtggtcgtgg tggccctcgt cgcggcatg gccgtcctgg tgatcaccaa120
 ccggagaaaag tcggggaagt acaagaaggt ggagatcaag gaactggggg agttgagaaa180
 ggaaccgagc ttgtaggtac ccggcggggc aggggatggg gtgggggtacc ggatttcggg240
 atcgtcccag acccaagtga gtcacgcttc ctgattcctc ggcgcaaagg agacgtttat300
 cctttcaaat tcctgccttc cccctccctt ttgcgcacac accagggtta atagatcctg360
30 gcctcagggt ctcctttctt tctcacttct gtcttgaagg aagcatttct aaaatgtatc420
 ccctttcggg ccaacaacag gaaacctgac tggggcagtg aaggaaggga tggcatagcg480
 ttatgtgtaa aaaacaagta tctgtatgac aaccgggat cgtttgcaag taactgaatc540
 cattgcgaca ttgtgaaggc ttaaattgagt ttagatggga aatagcgttg ttatcgctt600
 gggtttaaat tatttgatga gttccacttg tatcatggcc taccgagga gaagaggagt660
35 ttgttaactg ggcctatgta gtagcctcat ttaccatcgt ttgtattact gaccacatat720
 gcttgctcact gggaaagaag cctgtttcag ctgcctgaac gcagtttggg tgtctttgag780
 gacagacatt gcccgaaac tcagtctatt tattcttcag cttgccctta ctgccactga840
 tattggtaat gttctttttt gtaaaatggt tgtacatatg ttgtctttga taatgttgct900
 gtaatttttt aaaataaaac acgaatttaa taaaatatgg gaaaggcaca caaaaaaaaa960
40 aaaaaaaaaa aaaaac
 976

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1427 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 5 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- 10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112:

```

cttccggggg gactgcctct tccagggcgg gcggtgtggt gcacgcattg ctgtgctcca 60
actccctcag ggctgtgtt gccgcactct gctgctatga gcttcctcaa aagtttcccg 120
15 ccgcctgggc cagcggaggg gctcctgcgg cagcagccag acactgaggc tgtgctgaac 180
gggaaggggc tcggcactgg taccctttac atcgctgaga gccgcctgtc ttggttagat 240
ggctctggat taggattctc actggaatac cccaccatta gtttacatgc attatccagg 300
gaccgaagtg actgtctagg agagcatttg tatgttatgg tgaatgcaa atttgaagaa 360
gaatcaaaag aacctgttgc tgatgaagaa gaggaagaca gtgatgatga tgttgaacct 420
20 attactgaat ttagatttgt gcctagtgt aaatcagcgt tggaggcaat gtctactgca 480
atgtgcgaat gccaggcctt gcattccagat cctgaggatg aggattcaga tgactacgat 540
ggagaagaat atgatgtgga agcacatgaa caaggacagg gggacatccc tacattttac 600
acctatgaag aaggattatc ccattctaaca gcagaaggcc aagccacact ggagagatta 660
gaaggaatgc tttctcagtc tgtgagcagc cagtataata tggctggggg caggacagaa 720
25 gattcaataa gagattatga agatgggatg gaggtggata ccacaccaac agttgctgga 780
cagtttgagg atgcagatgt tgatcactga aaatgattta tgcaagttaa agattctgct 840
cctaagtgtg ggagagaact tgggtgcctc tccactctgg agtgaagtta atgaaagtct 900
ttttctttt ccaaaaccca acctgaacca gttctttctt gagacagact atactgagac 960
aacaagttgt caccagcaga agatagataa tatgaccttt attaaactga tgaattaact1020
30 taaccaagag ggtatttcta gtttactatt taccctaaaa ctttctgtgt ctgggtaccc1080
tctgagtagg cctataatct ctaccttgac tgtgtgcac atttgtaagc tagcagatct1140
atgtggtgaa aatgcacagg agcttggtag actgcggggg aaagagagag ctcccttcgc1200
catgttttac cagtctgctg ttataacctc ttaggttgta tcctttaatt tccagccttt1260
taggttagtt tctgtaacag aacaagttag tctgggatga agtcctcaaa gtacttcaaa1320
35 tggtaattgt tttgtttttg taatagctta acaataaaac ctaggttttc tatattaaaa1380
aaaaaaaaa aaaaaaaaga aaggtacctg ccctaataat attctgc 1427

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2639 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- 55 (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113:

10 tccctatctt acccttcccg attctccttt tttcttttct ttttttatat ggctttcttc 60  
ttttctttct ttcttttttc ttcccttttt tatttgacca gtgtaaataa caaacattta 120  
ttgggtgtcac ttatggtaga aaaaacttcc tacaccagat gcacatgacc cagttgttaa 180  
atagaacatt ttgaaggtag acacacaccc taaccaggt tttttaccg ctttttaaga 240  
tgGCCaatte ttcttctccc cccacccaa agacatgtga gcaactgcta atgaaaagca 300  
gtaaacagcc gcttaggcta tagcagtttc aactccactc tgaggtgaag attccaatta 360  
cattcgagac ttaagttctt tcaatttttt cctaacaaaa gtctctgagt ccagtattta 420  
15 caatattaca gcactagcag atcagtgctc acaactcact tttttctgct gtatcctctt 480  
caccagttgg gggagggcct gcacttccat agagtttgct gataattggg tgaacaattt 540  
cttcaggttc cttcttctta gctttgaagt cttcaatgtc agcatcttgg tggctttcca 600  
gccattcaat cttttcttct acagcttttt ccatggtctc cttatcttca gaggaaagt 660  
tacctccag cttttcttta tctccaatct gattctttag agaataggca tagctttcca 720  
20 actcatttct agtatcaatg cgctccttga gctttttgtc ttctcagca aacttctcag 780  
catcattaac catccttttc atttcttcag gtgtcaggcg attctgggtc ttgggtgattg 840  
tgatcttatt ttgttccct gtacccttgt cttcagctgt cactcgaaga ataccattca 900  
catctatctc aaagggtgact tcaatctgtg ggacccacg aggagcagga ggaattccag 960  
tcagatcaaa tgtaccaga agatgattgt cttttgtcag gggcttttca cttcatagaa 1020  
25 ccttgattgt aacagttggg tgattatcag aagctgtaga aaagatctga gacttcttgg 1080  
taggcaccac tgtgttcctt ggaatcagtt tgggtcatgac acctccaca gtttcaatac 1140  
caagtgtaa gggacataca tcaagcagta ccaggtcacc tgtatcttga tcaccagaga 1200  
gcacaccagc ctggacagca gcaccatacg ctacagcttc atctgggttt atgccacggg 1260  
atgggttctt gccattgaag aactctttaa ccagttgtct aatctttgga attcagctcg 1320  
30 agccaccaac aagaacaatt tcatcaatat cagacttctt caaatcagaa tcttccaaca 1380  
ctttctggac gggcttcata gttagccgga acagatccat gttgagctct tcaaattgg 1440  
cccagtcag ggtctcagaa aagtcttctc cttcatagaa ggactcaatt tcaattctt 1500  
cttgatgctg agaagacagg gcccgtttgg cttttcttac ctgcgcgcg agtttctgca 1560  
cagctctatt gtctttcctg acatctttgc cgtcttctt tttgtacagt ttgatgaag 1620  
35 gttccatgac acgctggtca aagtcttctc caccagatg agtatctcca ttagtggca 1680  
caacttcgaa gacaccattg tcaatggtga gaagagacac atcgaagggt ccgccacca 1740  
ggtcaaacac caggatgttc ttctccctc cctcttatc caggccataa gcaatagcag 1800  
ctgccgtagg ctggtgatg atcctcataa catttaggcc agcaatagtt ccagcgtctt 1860  
tggttgcttg gcgttgggca tcattaaaat aggtggttac agtaacaact gcatgggtaa 1920  
40 ccttctttcc caaataagcc tcagcggttt ctttcatttt agtgagaacc atggcagaa 1980  
tttcttcagg agcaaatgtc ttgttttgcc cacctccaat atcaacttga atgtatggt 2040  
tagttttctt ttcaaccacc ttgaacggca agaacttgat gtctgctgc acagacgggt 2100  
cattccacgt gcggccgatg agccgcttgg cgtcaaagac cgtgttctcg gggttggagg 2160  
tgagctgggt cttggcgga tcgccaatca gacgttcccc ttcaggagtg aaggcgacat 2220  
45 aggacggcgt gatgcggtt cctgatcgt tggcgatgat ctccacgcgg ccgttcttga 2280  
acacgccgac gcaggagtag gtgtcccca ggtcgatgcc gaccaccgtg ccacgtcct 2340  
ccttcttgtc ctctcctcg gccgcgcgc cgtcgagcag cagcagcatc gcggccacca 2400  
gggagagctt catcttgcca gccagttggg cagcagcagg cagtccagcc acaggccgta 2460  
gcacaggagc acagcgcaat ttccgacttg caggcggcag gggcccgagg tcacaaggcg 2520  
50 ccacgaacca ggcgaagggc aggtctagaa atacaggccg cggcgcttcc ctctcacact 2580  
cgcgaaacac cccaataggt caatctgtct gtgctgtctt ggccggcatc gacccttag 2639

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 634 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114:

```
20 ctcccgcgcg cgcggttaaa tccccgcacc tgagcatcgg ctcacacctg caccocgccc 60
gggcatagca ccatgcctgc ttgtcgccta ggcccgcctag ccgccgccct cctcctcagc120
ctgctgctgt tcggcttcac cctagtctca ggcacaggag cagagaagac tggcgtgtgc180
cccgagctcc aggctgacca gaactgcacg caagagtgcg tctcggacag cgaatgcgcc240
gacaacctca agtgcctgcag cgcgggctgt gccaccttct gctctctgcc caatgataag300
gaggggttct gccccaggt gaacattaac tttccccagc tcggcctctg tcgggaccag360
tgccagggtg acagccagtg tcctggccag atgaaatgct gccgcaatgg ctgtgggaag420
25 gtgtcctgtg tcaactccaa tttctgagct ccagccacca ccaggctgag cagtgaggag480
agaaagtctc tgccctggcc tgcactctgt tccagccac ctgccctccc ctttttcggg540
actctgtatt ccctcttggg ctgaccacag cttctccctt tcccaacca taaagtaacc600
actttcagca aaaaaaaaaa aaaaaaaaca aaaa 634
```

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 719 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115:

gtcgactttt tttttttttt ttttaacatgg aaaagtattt ttaaaaatcg aataatccta 60  
 ttcaagtcaa ccagtgttaa ccccggtgtg cttcctgcca gtctgttctt ccccatggga120  
 gtcacacaaa atgaaaatct cctagaaaaga gaagacaaag acccgcaaaa gatgtatgcc180  
 5 accatctatg agctgaaaga agacaagagc tacaatgtca cctccgtcct gtttaggaaa240  
 aagaagtgtg actactggat caggactttt gttccagggt gccagcccg gtagttcacg300  
 ctgggcaaca ttaagagtta ccctggatta acgagttacc tcgtccgagt ggtgagcacc360  
 aactacaacc agcatgctat ggtgttcttc aagaaagttt ctcaaaacag ggagtacttc420  
 aagatcaccc tctacgggag aaccaaggag ctgacttcgg aactaaagga gaacttcatac480  
 10 cgcttctcca aatctctggg cctccctgaa aaccacatcg tcttccctgt cccaatcgac540  
 cagtgtatcg acggctgagt gcacagggtc cgccagctgc cgcaccagcc cgaacaccat600  
 tgagggagct gggagaccct cccacagtgc ccacccatgc agctgctccc caggccaccc660  
 cgctgatgga gccccacctt gtctgctaaa taaacatgtg ccctcaaaaa aaaaaaaaa 719

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 494 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116:

gtcgataacg ccagacgcaa gacgccgggc ctacagcggg agcgtgagga aagccgtgcg 60  
 40 ttgcgttcca aggcattctgt gagcccgcg agtatacacc atgagcaaag ctcaccctcc120  
 cgagttgaaa aaatttatgg acaagaagtt atcattgaaa tttaatgggt gcagacatgt180  
 ccaaggaata ttgcggggat ttgatccctt tatgaacctt gtgatatagtg aatgtgtgga240  
 gatggcgact agtggacaac agaacaatat tggaatgggt gtaatacgag gaaatagtat300  
 catcatgtta gaagccttgg aacgagtata aataatggct gtccagcaga gaaacccatg360  
 45 tctctctctc atagggcctg ttttactatg atgtaaaaat taggtcatgt acattttcat420  
 attagacttt ttgttaata aacttttgta atagtcaaaa aaaagtttgg tctcatctac480  
 cttataatat ctgc 494

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1065 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117:

```

20 acgcggetga ctacgtctcaa agctccattg ttagatcctt tctgtcctcc ttccctggctc 60
 ctccttcttc cccacccctc taataggctc ataagtgggc tcaggcctct ctgcggggct 120
 cactctgcgc ttcaccatgg ctttcattgc caagtcctc tatgacctca gtgccatcag 180
 cctggatggg gagaaggtag atttcaatac gttccggggc agggccgtgc tgattgagaa 240
 tgtggcttcg ctctgaggca caaccacccg ggacttcacc cagctcaacg agctgcaatg 300
 ccgctttccc aggcgcctgg tggtccttgg cttcccttgc aaccaatttg gacatcagga 360
25 gaactgtcag aatgaggaga tcctgaacag tctcaagtat gtccgtcctg ggggtggata 420
 ccagcccacc ttcacccttg tccaaaaatg tgaggtgaat gggcagaacg agcatcctgt 480
 cttcgccctac ctgaaggaca agctccccta cccttatgat gaccatttt ccctcatgac 540
 cgatcccaag ctcatcattt ggagccctgt gcgcgcgtca gatgtggcct ggaactttga 600
 gaagtctctc atagggccgg agggagagcc cttccgacgc tacagccgca ccttcccaac 660
30 catcaacatt gagcctgaca tcaagcgcct ccttaaagtt gccatataga tgtgaactgc 720
 tcaacacaca gatctcctac tccatccagt cctgaggagc cttaggatgc agcatgcctt 780
 caggagacac tgctggacct cagcattccc ttgatatcag tccccttcac tgcagagcct 840
 tgcctttccc ctctgcctgt ttctttttcc tctcccaacc ctctggttgg tgattcaact 900
 tgggtcccaa gacttgggta agctctgggc cttcacagaa tgatggcacc ttcctaaacc 960
35 ctcctgggtg gtgtctgaga ggcgtgaagg gcctggagcc actctgctag aagagaccaal1020
 taaagggcag gtgtggaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1065

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 648 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120:

ggactgcggt cgtagtctc cggcgagttg ttgcctgggc tggacgtggt tttgtctgct 60  
gcgcccgcctc ttgcgcctct cgtttcattt tctgcagcgc gccagcagga tggcccacaa120  
10 gcagatctac tactcggaca agtacttcga cgaacactac gactaccggc atgttatgtt180  
acccagagaa ctttccaaac aagtacctaa aactcatctg atgtctgaag aggagtggag240  
gagacttggt gtccaacaga gtctaggctg ggttcattac atgattcatg agccagaacc300  
acatattctt ctcttttagac gacctcttcc aaaagatcaa caaaaatgaa gtttatctgg360  
ggatcgtaaa atctttttca aatttaattg atatgtgtat ataaggtagt attcagtga420  
15 tacttgagaa atgtacaaat ctttcatcca tacctgtgca tgagctgtat tcttcacagc480  
aacagagctc agttaaatgc aactgcaagt aggttactgt aagatgttta agataaaagt540  
tcttcagctc agtttttctc ttaagtgcct gtttgagttt actgaaacag tttacttttg600  
ttcaataaag tttgtatgtt gcatttaaaa aaaaaaaaaa aaagtcga 648

20

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1842 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121:

ctcgagccgc tcgagccgct gctctctgga gggggtagag atcaaaggcg gtccttccg 60  
acttctccaa gagggccagg cactggagta cgtgtgtcct tctggcttct acccgtaacc 120  
tgtgcagaca cgtacctgca gatctacggg gtccctggagc accctgaaga ctcaagacca 180  
aaagactgtc aggaaggcag agtgcagagc aatccactgt ccaagaccac acgacttcga 240  
gaacggggaa tactggcccc ggtctcccta ctacaatgtg agtgatgaga tctctttcca 300  
50 ctgctatgac ggttacactc tccggggctc tgccaatcgc acctgccaaag tgaatggccg 360  
gtggagtggg cagacagcga tctgtgacaa cggagcgggg tactgtctca acccgggcat 420  
ccccattggc acaagggaagg tgggcagcca gtaccgcctt gaagacagcg tcacctacca 480  
ctgcagccgg gggcttaccg tgcgtggctc ccagcggcga acgtgtcagg aagggtggctc 540  
ttggagcggg acggagcctt cctgccaaga ctccttcattg tacgacaccc ctcaagaggt 600



```

ggccgaagct ttctgtctt ccctgacaga gaccatagaa ggagtcgatg ctgaggatgg 660
gcacggccca ggggaacaac agaagcggaa gatcgtcctg gacccttcag gctccatgaa 720
catctacctg gtgctagatg gatcagacag cattggggcc agcaacttca caggagccaa 780
aaagtgtcta gtcaacttaa ttgagaaggt ggcaagttat ggtgtgaagc caagatatgg 840
5 tctagtgaca tatgccacat accccaaaat ttgggtcaaa gtgtctgaag cagacagcag 900
taatgcagac tgggtcacga agcagctcaa tgaaatcaat tatgaagacc acaagttgaa 960
gtcagggact aacaccaaga aggccctcca ggcagtgtac agcatgatga gctggccaga 1020
tgacgtccct cctgaaggct ggaaccgcac ccgccatgtc atcatcctca tgactgatgg 1080
attgcacaac atgggcgggg acccaattac tgtcattgat gagatccggg acttgctata 1140
10 cattggcaag gatcgcaaaa acccaaggga ggattatctg gatgtctatg tgtttgggg 1200
cgggcctttg gtgaaccaag tgaacatcaa tgctttgggt tccaagaaag acaatgagca 1260
acatgtgttc aaagtcaagg atatggaaaa cctggaagat gttttctacc aaatgatcga 1320
tgaaagccag tctctgagtc tctgtggcat ggtttgggaa cacaggaagg gtaccgatta 1380
ccacaagcaa ccatggcagg ccaagatctc agtcattcgc cttcaaagg gacacgagag 1440
15 ctgtatgggg gctgtggtgt ctgagtactt tgtgctgaca gcagcacatt gtttcaactg 1500
ggatgacaag gaacactcaa tcaaggtcag cgtaggaggg gagaagcggg acctggagat 1560
agaagtagtc ctatttcacc ccaactacaa cattaatggg aaaaaagaag caggaattcc 1620
tgaattttat gactatgacg ttgcctgat caagctcaag aataagctga aatatggcca 1680
gactatcagg cccatttgtc tcccctgcac cgagggaaac actcgagctt tgaggcttcc 1740
20 tccaactacc acttgccagc aacaaaagga agagctgctc cccgcagaag agcaaagaaa 1800
gctgtgtttg tccgggggga gaaaaaaccc gccccggggg gg 1842

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

25

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1596 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122:

```

ggcgggtata aaagcccccac ccaggccagc cggtctgtct cagcatttgg ggacgctctc 60
agctctcggc gcacggccca gcttccttca aaatgtctac tgttcacgaa atcctgtgca 120
50 agctcagctt ggagggtgat cactctacac cccaagtgc atatgggtct gtcaaagcct 180
atactaactt tgatgctgag cgggatgctt tgaacattga aacagccatc aagaccaaag 240
gtgtggatga ggtcaccatt gtcaacattt tgaccaaccg cagcaatgca cagagacagg 300
atattgcctt cgcctaccag agaaggacca aaaaggaact tgcattcagca ctgaagttag 360
ccttatctgg ccacctggag acggtgattt tgggcctatt gaagacacct gctcagtatg 420
55 acgcttctga gctaaaagct tccatggaag ggctgggaac cgacgaggac tctctcattg 480
agatcatctg ctccagaacc aaccaggagc tgccaggaaat taacagagtc tacaaggaaa 540

```

```

tgtacaagac tgatctggag aaggacatta tttcggacac atctggtgac ttccgcaagc 600
tgatgggttg cctggcaaa ggtagaagag cagaggatgg ctctgtcatt gattatgaac 660
tgattgacca agatgctcgg gatctctatg acgctggagt gaagaggaaa ggaactgatg 720
ttcccaagtg gatcagcatc atgaccgagc ggagggggccc cacctccaga aagtatttga 780
5 taggtacaag agttacagcc cttatgacat gttggaaaagc atcaggaaa aggttaaagg 840
agacctggaa aatgctttcc tgaacctggt tcagtgcatt cagaacaagc ccctgtattt 900
tgctgatcgg ctgtatgact ccatgaaggg caagggggacg cgagataagg tcctgatcag 960
aatcatgggtc tcccgcagtg aagtggacat gttgaaaatt aggtctgaat tcaagagaaa1020
gtacggcaag tccctgtact attatatcca gcaagacact aagggcgact accagaaaagc1080
10 gctgctgtac ctgtgtggtg gagatgactg aagcccgaca cggcctgagc gtccagaaat1140
ggtgctcacc atgcttcag ctaacaggtc tagaaaacca gcttgcgaa aacagtcctc1200
gtggccatcc ctgtgagggt gacgttagca ttaccccaa cctcatttta gttgcctaa1260
cattgcctgg ccttcctgtc tagtctctcc tgtaagccaa agaaatgaac attccaagg1320
gttggaagtg aagtctatga tgtgaaacac tttgcctcct gtgtactgtg tcataaacag1380
15 atgaataaac tgaatttgta ctttagaaac acgtactttg tggccctgct ttcaactgaa1440
ttgtttgaaa attaaacgtg cttgggggtc agctggtgag gctgtccctg taggaagaaa1500
gctctgggac tgagctgtac agtatggtt cccctatcca agtgtcgcta ttttaagttaa1560
atttaaataa aataaaataa aataaaatca aaaaaa 1596

```

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1033 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123:

```

gtcgcagctg accctcgctc ccgccccgc ctggagtcg acgtggaagt tgctggctga 60
45 ctgggcttgc gaggaaccg cctcggagct gcagccgaag gcaaggaatc actgaagatc 120
ggcgagggag gacagggggg tcatcatggg tggcttttcc tcaagtatat ttccagctct 180
gtttggaact cgggaaatga gaattttaat tttgggatta gatggagcag gaaaaaccac 240
aattttgtac agattacaag tgggagaagt tgttactact atacctacca ttggatttaa 300
tqtagagacg gtgacgtaca aaaaccttaa attccaagtc tgggatttag gaggacagac 360
50 aagtatcagg ccatactgga gatgttacta ttcaaacaca gatgcagtca tttatgtagt 420
agacagttgt gaccgagacc gaattggcat ttccaaatca gagttagttg ccatgttgga 480
ggaagaagag ctgagaaaag ccatttttagt ggtgtttgca aataaacagg acatggaaca 540
ggccatgact tctcagaga tggcaaattc acttgggtta cctgccttga aggaccgaaa 600
atggcagata ttcaaacgt cagcaaccaa aggcaccggc cttgatgagg caatggaatg 660
55 gttagtgtga acattaaaaa cgagacagta attcagtcga ttcttctccc ctgaaatgaa 720
gactacatca cctctctccc tttggaaaca gtcaagtgt cttcacacta ctagatgtta 780

```

aaactatatg attattggca tatactgact gactgcaata tttgtagtaa atagggaaaa 840  
taagtatttta gttggaggga taatttgatc gaatcacctg aatgttctat gtaatgtaa 900  
atattctttt cttgctttct tgtgttaagg tatatattct atttgtatgg aattcttatt 960  
5 caaatacagt tctattaaag agtatactcc tattggatga aaaaaaccta aaaaaaaaaa1020  
aaaaaaaaaa aaa 1033

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

10 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 124:

ICLLVHFVSR AKTVNLFSY WWVITENKDL FSCSLKSHK NNQIGSCLLS CVSWFLTCVH60  
25 TPVCL 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

30 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 125:

45 ISVFRLEFKYL THFQTCTMFY KPLDFQQHTI ENTCYSKHNF SVSSIADVVRD NIAISGMLQA60  
FKIA 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

50 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 126:

KANLLPATPE GTQIWVGPVF QLGKRMGKPG DGFHKFSSGL WHSFQEIPLG KGLLANMHFQ60  
T 61

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 127:

LKNTNEVKAL NWTLTFTPIF QVWKCIFASR PLPRGISWKE CHNPLENLWK PSPGFPIRLP60  
SWKTGPTHIW VPSGVAGRRF AF 82

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

HTWDPYPLGI SPRTIRPVCQ PKVAFGMLNF PLSKKVHLPN EVTIRLNPCK SLDFVIFYKNS60  
TFPIKSLVIK ISTLPKCDST AWFLANKNPI 90

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129:

MVADYGCTIL ILGPFTHRNH TKWPDYTFTE QFKYYTLAKS TYSTHPGEGG EKTHYKTTTS60  
25 LDTMCLPTIS SLNMFHQLRC LV 82

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

30 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130:

RNLVTQMKSG IEDPWTWQVN ADYSLAFPLY LCKEGYTELI LFQAYNFKFY HLNSSTFAAE60  
45 EWNQKNVVSF 70

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

50 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

AIQCEAYFIA TLVDCQGDSA TVLDKLMFPF SLAANRRATY SAGSRARSWG SRGYTSSLII60

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 181 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60  
SLVSQDYVNG TDQEEIRTVG DQCIQKFLDI ARQTECFLLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120  
35 LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180  
T 181

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

40 (A) LÄNGE: 423 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

5 LSEDEIRTLK QKKIDETSEQ EQKHKETNNS NAQNPSEEEG EGQDEDILPL TLEEKENKEY 60  
LKSLFEILIL MGKQNIPLDG HEADEIPEGL FTPDNFQALL ECRINSGEV LRKRFETTAV120  
NTLFCSTQQ RQMLEICESC IREETLREVR DSHFFSIITD DVVDIAGEEH LPVLVRFVDE180  
SHNLREEFIG FLPYEADAEI LAVKFHTMIT EKWGLNMEYC RGQAYIVSSG FSSKMKVVAS240  
RLLEKYPQAI YTLCSICALN MWLAKSVPM GVSVALGTIE EVCSFFHRSP QLLELDNVI300  
AVLFQNSKER GKELKEICHS QWTGRHDAFE ILVELLQALV LCLDGINS DT NIRWNNYIAG360  
10 RAFVLCSAVS DDFIVTIVV LKNVLSFTRA FGKNLQGQTS DVFFAAGSLT AVLHSLNEVS420  
GKY 423

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

15 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

30 VENIEVYHEF WFEEATNLAT KLDIQMKLPG KFRRAHQGNL ESQLTSESYY KETLSVPTVE 60  
HIIQELKDIF SEQHLKALKC LSLVPSVMGQ LKFNTSEHH ADMYRSDLPN PDTLSAELHC120  
WRIKWKHRGK DIELPSTIYE ALHLPDIKFF PNVYALLKVL CILPVMKVEN ERYENGRKRL180  
KAYLRNTLTD QRSSNLALLN INFEDIKHDLD LMVDTYIKLY TSKSELPTDN SETVENT 237

## 35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

RIRINGSLCP QTKNNLYFHI VELSIGASV GERWYGMGES ILPARGESQG LLCLFYFYKEI60  
LPLFLVNKLK GTDVGLEQGL SGGECSWTA 89

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

5 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

20 EEERAKREEL ERILEENNRK IAEAQAKLAE EQLRIVEEQR KIHEERMKLE QERQRQQKEE60  
QKIILGKGKS RPKLSFSLKT QD 82

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

25 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

40 SALKVEYLLS CPVSCRVCSS AAIRASFLEK MICTVSLAIP ASAAQFFIKK QHTRKAELRN60  
ADVYGKKEQK M 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

45 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF



(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:

10 SSAQRKYFNL PVEILVMERC QTVLNGRTSK SEATVPTRG LLYCSTFSAL YFLAEASPWS60  
AMYKLG 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

15 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

30 RAEKVEQYKS PRVVGTVASL LLVLPFKTVW HLSMTRISTG RLKYFLCAE 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

35

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

SCERRGFIMA DDLKRFLYKK LPSVEGLHAI VVSDRDGVPV IKVANDNAPE HALRPGFLST 60  
FALATDQGSK LGLSKNKSII CYYNTYQVVQ FNRLPLVVSF IASSSANTGL IVSLEKELAP120

LFEELRQVVE VS

132

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- 5 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

20

QMILLFLESP SLLPWSVARA KVDKKPGRKA CSGALSFATL ITGTPSLSDT TMAWSPSTLG 60  
NELYKNRFRS SAMMNPLLSQ DQSPRLGFLG CLVLSAVTSG TALKTGSSSS HRHMIHDLVC120  
APGSTF 126

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60  
EEPEPLSPEL EYIPRKRGN PMKAVGLAWA IGFPCGILLF ILTKREVOKD RVKQMKARQN120  
45 MRLSNTGEYE SQRFRASSQS APSPDVGSV QT 152

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- 50 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFTCFTRS LSTSRLVRMK 60  
RRIPQKGKMA QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGDRGSGSSL PSGELWLCRA RVLL 114

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

135 EDEVEEESTA LQKTDKKEIL KKSEKDTNSK VKPKGKVRWT GSRTGRWKY SSNDESESG 60  
SEKSSAASEE EEEKESEAI LADDDEPCKK CGLPNHPELI LLCDSDCSGY HTACLRPPLM120  
IIPDGEWFCP PCQHKLLCEK LEEQLQDLVD ALKKKERAER RKERLVYVGI SIENIIPPQE180  
PDFSEDQEEK KKDSKKSKAN LLERRSTRTR KCISYRFDEF DEAIIDEAIED DIKEADGGGV240  
GRGKDSTIT GHRGKDISTI LDEKIIT 267

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

40

(A) LÄNGE: 185 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

5 SSEKSGSCGG MMFSILIPY TKRSFLRSAR SFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60  
SPSGMIIRGG RRQAVWYPLS QESHRRISG WFGPHFLHG SSSSARMASS LSFSSSSSEA120  
ADDFSLPDPS LSSLLEYFHL PRVREPVRT LPLGFTLEFV SFSDFFKISF LSVFCKAVDS180  
SSTSS 185

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

10

- (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

KRQPTSAMKD PSRSSTPSI INEDVIINGH SHEDDNPF AE YWMENEEEF NRQIEEELWE 60  
EEFIERCFQE MLEEEHEW FIPARDLPQT MDQIQDQFND LVISDGSSLE DLVVKSNLNP120  
NAKEFVPGVK YGNI 134

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

50 HSDKRAFTIK SSNTAFTVWK LCYIHQKRAP STQIFPYFTP GTNSFAFGFR LLLTTRSSRE 60  
EPLITRSLN WSWIWSIVCG RSRAGINHSC SSSSSISWK QRSINSSHN SSSICLLNSS120  
SFSIHMYSAN GLSSS 135

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

LVSGANQCGS CNSKSFLTKA WYYRVGFRFF RGGLEDFDEFF FFYVIFGKTH SELYLVST 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

20

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

FFVLKSLLVG ACYWEQVFVQ KLQSESLCIT ETLFITSLLS LPQKTVGLNK IICILIYLLKC60  
L 61

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

5

SACKFLRDLP LLTVDQLMYT CIIKALNKSL WLITAKMGTR HLLCVLVTAVALRAVRPCLI60

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

10

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

25

KRDIILNVFS QRSHKRKKNQ NQINHHEKNE TPHGNTKLWL GSSYYYSSHI GWRRKP 56

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

30

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

45

IPVHRLHGRA DPLGWSIVSD LITSGLGAGV LRGLPARRLH SLGRRVLGRP GVWLERLGHG 60  
RRDALGAWSA AQRPTTPGRP ACVCAPRRGP ESPSADPVPP PGRAGDPSPP DASASGPRGG120  
AATKAGPAHD PGQLRPELRV LPPPPRGDRE 150

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

15 LPVAAGGRGQ DAQLRPELSG VVSRPRLGGG APSRSRGRI GVARVSSPAG RRDRVCGGGL60  
GASAGRAHAG GAARGAGPLR G 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 214 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

35 PGSQSVTPPM AEPLQPDPGA AEDAAAQAVE TPGWKAPEDA GPQPGSYEIR HYGPAKWVST 60  
SVESMDWDSA IQTGFTKLNS YIQGKNEKEM KIKMTAPVTS YVEPGSGPFS ESTITISLYI120  
PSEQQFDPPR PLESDVFIED RAEMTVFVRS FDGFSSAQKN QEQLLTLASI LREDGKVFDE180  
40 KVYYTAGYNS PVKLLNRNNE VWLIQKNEPT KENE 214

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

PNFYRGFIEN LTMCGGLSCL NLFRAVCSVH QMGRSGMGHL RPFRSGLNRM LEPRLDSDL60  
RF 62

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

IHLPPKKLISF YLRGEVQFSF GSSESKHLIC WVKTPFLAF YVLSHNNSIK QEGKQKTKKK 60  
KGKKKNLHGL VSLTKHVGAV CLGGAGYRTC QCLGFSINLA RDIK 104

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

SLLISRKIKQ NTSPARLTCV YIIYKQRATP TSQQLGEISA VHAVVCQFGE ITPWKNWKNL60  
LAGKNSFICI KSVLQKNPCG 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:



- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

PSIDLEAEES QRLLKVMWF SFKLLFLES RIYGVNCSL FVHKIKPFKK LKKKKKRGEK60  
KREKGKGRK RRGEE 75

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

KYLTLPYKLL VPFCIPPSIT LTKGIFYCKE YFILIYTSHE FLPLVTIQML PSATIQIAQP60  
FYVHNSLL 68

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

LEFFLFRYHTV PLPPKGRVLI HWMTLCTQTM KLMAIPLVFQ IMFGILNGLY HYAVFEETLE60  
KTIHEE 66

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

TRLKGDGRGV HFLKALRRGG LRASLLYLLE KYRLVFLLSI CVRGMVSSVK SFLVGEQLLS 60  
ISEPRFKMSV CKCSFLSTTS TFVPISSDSK KVSSYFSLCS ESLAEQNLFM MPEVFCSEQK120  
FDPELNDLSF FFTRLFSSLV TLRVSPHAPA SEMQTVLSS 159

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(A) LÄNGE: 439 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

50

KSLLFTSSKF PLISFSSPQG LKFRSKSSLA NYLHKNGETS LKPEDFDFTV LSKRGIKSRV 60  
KDCSMAALTS HLQNSNNNSN WNLRTSRKCK KDVFMPPSSS SELQESRGLS NFTSTHLLK120  
EDEGVDDVNF RKVRKPKGKV TILKGIPIKK TKKGCRKSCS GFVQSDSKRE SVCNKADAES180

EPVAQKSQLD RTVCISDAGA CGETLSVTSE ENSLVKKKER SLSSGSNFCSEQKTSIGIINK240  
FCSAKDSEHN EKYEDTFLES EEIGTKVEVV ERKEHLHTDI LKRGSEMDNN CSPTRKDFTE300  
DTIPRTQIER RKTSLYFSSK YNKEALSPPR RKAFKKWTPP RSPFNLVQET LFHDPWKLLI360  
ATIFLNRTSG KMAIPVLWKF LEKYPSAEVA RTADWRDVSE LLKPLGLYDL RAKTIVKFSD420  
5 EYLTKQWKYP IELHGIGAP 439

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- 10 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

25 DCGKVQTMQ FALTNFLGLI SLCKTPVLSF LPQDRVQSFL KHALRCPHLR HCFVDTLKGV60  
HKAKKSDQML RASNLYLTTW TWHWQKSLQH 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- 30 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

45 SDFCQCHVQV VRYKLLALSI WSDFFALWTP LRVSTKQCLR CGHLRACFRK LCTLSCGRKE60  
RTGVLHKEIS PRKLVNANCI CVCTLPQSYI VF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- 50 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

15 ADHQNYIPW PPACVLLARP WLASLTREKD LQKIRLWDHF VCALGMTFFP TPGKPLGLSE60  
TLWLANHMVS LKVERLSNPP IPREFQSDV I 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

20 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

35 NGGLNAHLAS ASEFDHSGVQ LIEREEIICI FYEKINIQEK MKLNGEIEIH LLEEKIQFLK60  
MKIAEKQRQI CVTQKLLPAK RSLDADLAVL QIQFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

40 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

5 KTEFGAQLGR HPGTSLAVI SGSHKVFAS QSSFSGIGS FLPVDVFQFL HLVSSSLGYL60  
FFHKKCIFLL PALSAERHYG QIQRQLSGH 90

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

10 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

25 AVRSRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60  
SPFHDIPYIA DKVRHPCFWT QSLYSDQLVL HMNFLICLST SA 102

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

30 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

45 VKRLCPKTRM PYLICINWNI MKWRYILSFL IFEEDSVLQG EGRGALLGAE AAHSAGVLPP60  
PLPQSHQPAR GAD 73

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

50 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

15 RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRVSG AANTKVRELK HFRFLGLLRS 60  
CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGGRQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILEFDV120  
VVFLFVYFLP 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

20

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

ILKMATNFLN KEDRTLNRRI SHLQGTLPFI LHFVTNLQNS INWVGHPFL AKFLKLNPLV60  
RV 62

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

5 AVYCILHQQK VLRLYKRALR HLESWCVQRD KYRYFACLMR ARFEEHKNEK DMAKATQLLK 60  
EAEFEFWYRQ HPQPYIFPDS PGGTSYERYD CYKVPEWCLD DWHPSEKAMY PDYFAKREQW120  
KKLRRESWER EVKQLQEETP PGGPLTEALP PARKEGDLPP LWYIVTRPR ERPM 174

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

10

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

PLVPSFPSAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCAV 60  
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120  
TPFADVVCNI R 131

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

50 LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLLD SWSGVIPFF FSCSCLPFLY60  
PPKWRQIHDLD KDTQYLLNSS 80

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

KVLRKLGPE EASGQMAGAG PTMLLREENG CCSRRQSSSS AGDSGGERED SAAERARQQL 60  
EALLNKTMRI RMTDGRTLVG CFLCTDRDCN VILGSAQEFL KPDSFSAGE PRVLGLAMVP120  
GHHIVSIEVQ RESLTGPPYL 140

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

SLKGKRHRGQ RYGGPVRLSL CTSMETMWCP GTMARPSTRG SPAEKESDGL RNSCAEPRMT 60  
LQSRVQRKQ PTSVRPSVMR MRIVLLSSAS SCCRARSAAE SSRSPSESPA LELL 114

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja



(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

RLSRLTEPKE DPMAGISTAE HHLDPAAALP TQLSRSRHSP QVISTDGGET RGCGRQERKA60  
ERRVCKNAKV TFPVGGKCQ RHWFCCHRQS EHLEL 95

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

RRVQHPPFFS QLIRDAAKRT FRITRLQAFS KYLVVYVYLN GSMLPVPSPC PLCQPPVALV 60  
LVSFPSSAKR PWNLNGGCFA LGGSCWWDQS FDKPPAPWWH LSWKDVTPG AQTACGSRTS120  
30 AFGIFLPQWG R 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
35 (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

50 TAPCCRCFAP VPSVNPLSLW CWFRSRLQQN DLGTSMGAAL LWEVLVGGTR ALTNLLLLGG 60  
TSPGRTSQLQ VLRLPVAAEP VPLAFSSHNG EGDFGILTNS SLGLSLLPST ASRFSSICAY120  
YLRTVSAP 128

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- 5 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

20 DSRVYCFSGN YRKLVLPRKT GAIRNGSNIS KLRKQDVLSF AHLGFLLFPF SLFSLRSLFQ60  
FPSDLPLVPL ESQRL 75

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- 25 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

40 LGDSESMPLL ALKCPVRLLG TLEPSEILII LGSSPYFQMF SAQHWVLSST TENPEEKGR60  
FP 62

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- 45 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

10 PHPSRRLTQG RWVRKSRVAM EKIPVSAFLR LVALSYNLAR DSTVKPGAKK DRKESRAKLR60  
QTLRSRWGEQ LIWTQTYEEA LYKSRLATN 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

15 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

30 GNPELPWRKF QCQHSCALWR SPTIWPGIAQ SNLEPKRTGR SLEPNCARPS PEVGVNNSSG60  
LRRMKKLYIN RD 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

35

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

SLGHRPRNGG HSRGCDLGGL HAHSPDPRLO GAGLQQAQNA AYSVSLPPGC VGHLPWHLRL 60  
HHRTGREHRA HTLLPLWDPL FHLLLLPAGS CCQSDQARPG EEAPFPVGDS GSGRGLQPS120

GCYRY

125

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- 5 (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

20

RG RDSCPRSP PALRSSPAAL LRAGSSTKFT ANALALGSRM ATTVPDGC RN GLKSKYYRLC 60  
DKAEAWGIVL ETVATAGVVT SVAFMLTLPI LVCKVQDSNR RKMLPTQFLF LLGVLGIFGL120  
TFAFIIGLDG STGPTRFFLF GILFSICFSC LLAHAVSLTK LVRGRKPLSR LVILGLAVGF180  
SLVQDVIAIE YIVLTMNR TK 200

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- 30 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

45 AEAHGQTQNH QPGKGLPPPD ELGQTDMSQ QAGEADGKED PKEEEACGPC APVQSDDEGE 60  
GEAKDAQHTQ EEEKLSRQHF SPVGVLHLAD EDRESEHEGH RGHNP GCGHR F 111

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- 50 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

EIYWETDYNH SGTIDAHEMR TALRKAGFTL NSQVQQTIAL RYACSKLGIN FDSFVACMIR60  
LETFLKLFSL LDEKDKGMVQ LSLAEWLCCV LV 92

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

ESLIAFLFLH DQCAQDSIVL TMIKDVVRIQ WTRNECKGGL EQRRGCPEGK ESYQILLNLQ60  
PERLEFHRPQ SAPFHCSRHI K 81

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

5 KTTIHGPCQN HLPPTHCFK RPGLSKGDP IDSSQEGFRA SIRAWPVLAP LLSEQQGFQG60  
SGWHESLSLP SCSFMTNVPR TQ 82

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- 10 (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

25 RPPSSRSSL AGQNTQHSH SARES 25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- 30 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

45 TMPSSLSSRR LNSLKRVSRR IIQATKLSKL MPSSLHAYRR AMVCTWLLR VKPAFLRAVL60  
ISWASMVPEW L 71

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- 50 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

IRRNTSRISV HTWRRTPPYD SPACFSCSIV SLEGSGFFSC VSVFFSFDLS NFSISAISGL60  
SDMVAEEKQS EAHEYERQFL ASRRSG 86

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

HPFSTFPTLP PQAGKFDATL LASQCILGGA RLLTIRLLAS PVQSFLWKAV DFSLASLSSS 60  
VSTYRISR SQ PYRVCQTWLR RKSKARRTST SDSSSRLAAV A 101

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

TPFPSPQLYP LKQVNSTQHF SHLSAYLAH ASLRFACLLL LFNRFGRQW IFLLRLCLLQ 60  
FRLIEFLDLS HIGFVRHGCG GKAKRGARVR ATVPRVSPQW 100

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

GLTDOYLELN ALQEELGPFQ LVILGFPSNQ FGKQEPGENS EILPSLKYVR PGGGFVPNFQ 60  
LFEKGDVNGE KEQKFYTFLK NSCPPTAELL GSPGRLEWEP MKIHDIRWNF EKFLVGPDI120  
PVMRWYHRTT VSNVKMDILS YMRRQAALSA RGK 153

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

(A) LÄNGE: 249 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

LMPPYPYPYL PIMQGPGRGS SGRKPHSQSF YPHRFSFLL HKRQAWHNCV SEPLWTRDNC 60  
PSVCMATQPR ICLEETQGWS ICVYGLAQHP HIFFSFLFQM SPKETQVLGP MVLLKPEHHS120  
WGQHLPHAH TTHQPPSSFL KDPPEPPSPS HSAPETSQDN CERDGRVPQV RGGVSMKEGP180  
EALVGGPPLS PSVVPALSAF RLRLPGRDTT PAPLEDMLSS HSVHWYLNTP ICPVKVFLQQ240  
KKRRKKKKK 249

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren



- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

15 AGLSAPPPAP LLCRAQAPLA LGPNFSYRHG VRPGSSPGAH LPEARCGGGP RGRSQAQSPQ 60  
SSGPVGGGRGR SGSKARTPOL FRLQQQLQRF GHGCEVPRCW LQAAREHPGQ GQEAQSEEEG120  
EGQEGEGQEE GGSPLKGPQ GSLNLPCLR VPTTWS 156

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

DPTSLTAMEF DLGAALEPTS QKPGVGAGHG GDPKLSPHKV QGRSEAGAGP GPKQGHSSS 60  
DSSSSSSSDSD TDVKSHAAGS KQHESIPGKA KPKVKKKKEK GKKEKGKKKE APH 113

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

- (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

5

GGPPPPKHLS SRWLVLVGRE EGLMSPVQGP SVGSLLLLLAL LLLALLLLH FGLLGLARDA 60  
LVLLGASSVG LHIRVRIAGA AAGVGRAVVS LLWTRTCPCL RPALNFVGTE LGISPVARPH120  
TGLLGGGLQG CSQVELHGGK RSWVLRPRAP GPCRGAEQGE ER 162

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

VEPWTTTCRAA GAVMADYWKS QPKKFCDYCK CWIADNRPSV EFHERGKNHK ENVAKRISEI 60  
KQKSLDKAKE EEKASKEFAA MEAAALKAYQ EDLKRLGLES EILEPSITPV TSTIPPTSTS120  
30 NQQKEKKEKK KKRSFKGQMG RRHNL 145

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

35 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

50

PALSHLPRHQ INRKKRKRKR KKDPSKGRWV EGITSEGYHY YYDLISGASQ WEKPEGFQGD 60  
LKKTAVKTVW VEGLSGDFGFT YYNTETGES RWEKPDDFIP HTSGLPSSKV NENSLGTLDE120  
SKSSDSHSDS DGEQAEAEQG VSTETEKPKI KFKEKNKNSD GGSDPETQKE KSIQKQNSLG180  
SNEEKSKTLK KSNPYGEWQE IKQEVESHEE VDLELPSTEN EYVSTSEADG GGEPKVVFE240

KTVTSLGVMA DGVAPVFKKR RT

262

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- 5 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

- 20 KGGRRKGIKG VCCNGGSCPE SIPRGFEKTW LRVRNFGAKH NTSNQHYPTY LDIKSTERKE60  
REEEKKILQR ADG 73

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- 25 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

- 40 IWNFQALKMS MYQLQKLMVA ENPKWYLKKK QSLLELWQM EWPQSSKREE LENGKILGKF60  
KGNEVMIQ 68

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- 45 (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

10 SVHCFREDKM KFTIVFAGLL GVFLAPALAN YNINVNDDNN NAGSGQOSVS VNNEHNVANV 60  
DNNNGWDSWN SIWDYNGGFA ATRLFQKKTC IVHKMNKEVM PSIQSLDALV KEKKLQGKGP120  
GGPPPKGLMY SVNPNKVDDL SKFGKNIANM CRGIPTYMAE EMQEASLFFY SGTCYTTSVL180  
WIVDISFCGD TVEN 194

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

VHQALGRWSS WSLTLKLLFL DQCIKGLNGG HDFLVHVFVN ACLLLKESGC SKAISIIPDG60  
IPGVPSVVIV NIGHIVFIVD TH 82

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

ELGLNHLWLR VWLEPTAQVP DVLFPFEMER EEKAVSLLLW FNVKEPQLPP LPGREAFGFL 60  
LLLLALVAGE VLQDHLRLAQ LVLAGLRAHA GRLRFRKALT KASARCAPEG WTSESFASF 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

5

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

IICGCVSGLS PLHRSLMYCF QSSWRGRKRL YLCCSGLMSK SRSSLCLAE KPLAFFFFSL 60  
RLWRVKYSRT TALRCWSSR ACGLMRGVC A SGRPSRRPRP AVLLKAGHRS HSPLSETMHG120  
RSHSSFSDRF RRLMT 136

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

TLETVHQGPV QWAQARHAAT DDSGQALKGR SSRGYFSDK IQMPLLCGY RNPSTGNKAH 60  
FQNYHQRRPP ESYPOAKLRV HCGNRWLYFL HLREQIPASV K 101

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

50

- (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

15 LRCPAFRSTA GRGLREGLPE AQTPRMSPQA REDQLQRKAV VLEYFTRHKR KEKKKKAKGF 60  
SARQRRELRL FDIKPEQQRY SLFLPLHELW KQYIRDLCSG LKPDTPQPMI QAKLLKADLH120  
GAIISVTKSK CPSYVGITGI LLQETKHIFK IITKEDRLKV IPKLNCVFTV ETDGFISYIY180  
GSKFQLRSSE RSAKKFKAKG TIDL 204

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

20

(A) LÄNGE: 645 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

35

40 PTRPVAAGSE QQQQSAFIQE RQPVALMRLI SFNVPHIKNS TGEPIWKVLI YDRFGQDIIS 60  
PLLSVKELRD MGITLHLLH SDRDIPDVP AVYFVMPTEE NIDRMCQDLR NQLYESYYLN120  
FISAISRSKL EDIANAALAA SAVTQVAKVF DQYLNFILE DDMFVLCNQN KELVSYRAIN180  
RPDITDTEME TVMDTIVDSL FCFFVTLGAV PIIRCSRGT AEMVAVKLDK KLRENLRDAR240  
NSLFTGDTLG AGQFSFQRPL LVLVDRNIDL ATPLHHTWTY QALVHDVLDL HLN RVNLEES300  
SGVENSPAGA RPKRKNKKS Y DLTPVDKFWQ KHKGSPFPEV AESVQQELES YRAQEDEVKR360  
LKSIMGLEGE DEGAISMLSD NTAKLTS AVS SLPELLEKKR LIDLHTNVAT AVLEHIKARK420  
LDVYFEYEEK IMSKTLDKS LLDIISDPDA GTPEDKMRLF LIYYISTQQA PSEADLEQYK480  
KALTDAGCNL NPLQYIKQWK AFTKMASAPA SYGSTTTKPM GLLSRVMNTG SQFVMEGVKN540  
45 LVLKQQNLPV TRILDNLMEM KSNPETDDYR YFDPKMLRGN DSSVPRNKNP FQEAIVFVVG600  
GGNYIEYQNL VDYIKGQ GK HILYGCSELF NATQFIKQLS QLQ GK 645

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

50

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

GAGPSQLRLH YPRISMAVRQ WVIALALAAL LVVDREVPVA AGKLPFSRMP ICEHMOVESPT 60  
CSQMSNLVCG TDGLTYTNEC QLCLARIKTK QDIQIMKDGK C 101

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

35 QLGWIFYFMS YPLHAHCSP ADTSWLEVLL WQHLPSFMI WMSCLVFIRA KQSWHSFVYV 60  
SPSVPTQLRD IWEQVGDSTM CSQMILEKG SFPAATGTSL STTRRAAKAR AITHWRTAML120  
ILG 123

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

40 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

IKAKFNLNAF FFFLLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLIVRGIQ PEIKPIYKHV60  
CSSK 64

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

SFAIPFPWHC TISPIIGQSL GFLGFTMVAT TIRLIDGSNL KKKVMVMDKI SRSREVCYHK60  
ITVASTS 67

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

TISSITDSQ LQEVAEQLEI FAALHEVLHI INDRKNLKG LQEVAEQLEL ERIGPQHQA 60  
SDSLTGMAF FKMREMFED HIDDACYCGH LYGLGSGSSY VQNGTGNAYE EEANKQS 117

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

- (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel



(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

15 PTCPIQHFIM MKLWVPSRSL PNSPNHYRSF LSHTLHIRYN NSLFISNTHL SRRKLRVTNP 60  
IYTRKRSLNI FYLLIPSCRT RLILWIIYY RNLKHWSTST VRSHSHSIYR LRPSMRTNII120  
LRCHSYKPP ISHPIYWNNP SRMNLRLLS RQSHLDPILR FPLHLTIYYR GPSNRSPPLP180  
PRNRIKQPNR IKLR CR 196

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

40 LPSAIEGPTP VSALLHSSTI VVAGIFLLVR FHPLTTNNNF ILTTILCLGA LTTLFTAICA 60  
LTQNDIKKII AFSTSSQLGL IIVTLGINQP HLAFLHICHT AFFKAILFIC SGSIHSLAD120  
EQDIRKIGNI TKIIPFTSSC LVIGSLALTG IPFLTGFYSK DLIIEAINTC NTNA 174

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

FLKTTALIIS VLGLIALEL NNLTIKLSIN KANPYSSFST LLGFFPSIIH RITPIKSLNL 60  
SLKTSLTLLD LIWLEKTIPK STSTLHTNIT TLTTNQGKLI KLYFISFLIN IILIIILYSI120  
NLE 123

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
15 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

30 NMLLAEVRIS MVIRNSVRYL MNRLMFGSEC IYHEENCIID HVTKRATDVN RIEKKSVLKL 60  
ILSSIEFMVT QCQVVIYSI LLWKNINRGK RLIMKENLID VVYSGKLMC LIRFDIEIRI120  
GDSRRMKIK 129

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

35

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

FFFFFFFFAIQ MNVYFLNPHR VRAELRDAWH SISHPGSLPR SFFFAGSILD LYHFLQRQYP60  
EWQSQVYFKV GVFSGSRGDW IPS 83

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

5 (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

20

SMMLFKVLVI TVFCGLTVAF PLSELVSINK ELQNSIIDLL NSVFDQLGSY RGTKAPLEDY 60  
TDDDLSTDSE QIMDFTPAAN KQNSEFSTDV ETVSSGFLEE FTENTDITVK IPLAGNPVSP120  
TS 122

25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

45 TSTTVFFFPF HSLSPVGCTV CSHALCINIL EIYRSVLYFL YCWILIIKTF TRVLNKSSLT60  
RK 62

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

50 (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

ARPCMNSTKA LPHGREHTRL KMSYLKNKM CKSSGWHKTK VNASWGTFLR GLAECVNIID60  
FCLCYMTSVT SLKICTIQFQ LWITSVDLCE GFYLCRMGV 99

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

GELQKSSHYH PPELFEMIFF VHEGCSIGGR IYYNMDHLYF CIYLFITRPQ PQSSFSPSTS60  
LCL 63

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

INKYRSRDDP YYSIFYHQYC SQNVQKKSFQ ITQEDDNGWT FVIHLKDCGR ANSTHCIVCA60  
YGGI 64

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
15

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

PLFCAILKTC TFYFSDSLTF LIECVLYHAV MLWYYSYRVL PILKTCFHPK RSFDSALEVL60  
HKLKSLSNIN MKGGTGCNIY SQVTSLYI 88  
25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
30 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

ASTIMDLLFG RRTPEELLR QNQRALNRAM RELDRERQKL ETQEKKIAD IKKMAQGGM 60  
45 DAVRIMAKDL VRTRRYVRKF VLMRANIQAV SLKIQTLKSN NSMAQAMKGV TKAMGTMNRQ120  
LKLPIQIKIM MEFERQAEIM DMKEERIELL HLMIPWVLGK F 161

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

- 50 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

15 RRVRTKSFAM MRTASIWPCL AIFLMSAMIF FSWVSSFCRS RSSSRMARFR ALWFCRSSSS 60  
GVFRRPNNRS MMVEAHWQAG AGTDTRFRFR VTLLFLGSPT CPPTKAPRSC RRRRRFRGRV120

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

20 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

35 KLPQNPRDHQ MQQFNPLLLH IHDLCPLKL HHDLLDLGQL QLSVHGAGHL GDTLHGLCHR 60  
VVGLECLDLE GHSLDVGPHQ YKLAHIAPGA HQVECHDANS IHLALLGHLL NVCNDFLLLG120  
L 121

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

40 (A) LÄNGE: 180 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

5 KTKRSVKDAA KKGQKDVCI LAKEMIRSRK AVSKLYASKA HMNSVLMGMK NQLAVLRVAG 60  
SLQKSTEV MK AMQSLVKIPE IQATMRELSK EMMKAGIIEE MLEDTFESMD DQEEMEEAE120  
MEIDRILFEI TAGALGKAPS KVTDALPEPE PPGAMAASED EEEEEALEA MQSRLATLRS180

## 10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

LMPFQSONLQ ERWLPQRM RG RRKRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60  
ALHLCCEDYH FGEGSVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRKKKKK K 111

30

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

KICERCCQEG PEGCLHSSGQ GDDQVKEGCE QAVCIQSTHE LSAHGDEEPA RGLASGWFFA 60  
50 EEHRSDGHA KSCEDSRDSG HHEGVVQRND EGWDHRGDVR GHF 103

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

- (A) LÄNGE: 351 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

20 TWCTTTMLAA RLVCLRTLPS RVFHPAFTKA SPVVKNSITK NQWLLTPSRE YATKTRIGIR 60  
RGRGTQELKE AALEPSMEKI FKIDQMGRWF VAGGAAVGLG ALCYYGLGLS NEIGAIEKAV120  
IWPQYVKDRI HSTYMYLAGS IGLTALSAIA ISRTPVLMNF MMRGSWVTIG VTFAAMVGAG180  
MLVRSIPYDQ SPGPKHLAWL LHSGVMGAVV APLTILGGPL LIRAAWYTAG IVGGLSTVAM240  
CAPSEKFLNM GAPLGVLGLL VVSSSLGSMF LPPTTVAGAT LYSVAMYGGL VLFSMFLLYD300  
TQKVIKRAEV SPMYGVQKYD PINSMLSIYM DTLNIFMRVA TMLATGGNRK K 351

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

45 RVAPATVVGG RNIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMFRNFSLGA HMATVERPPT MPAVYHAALM 60  
RRGPPNIVRG ATTAPITPEC SNQARCFGPG LWSYGIDRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120  
MKFMRTGVLL IAMADKAVKP ILPAKYI 147

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

50

- (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear



(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

15 KARRRGTMAA AADERSPEDG EDEEEEEQLV LVELSGIIDS DFLSKCENKC KVLGIDTERP 60  
ILQVDSCVFA GEYEDTLGTC VIFEENVEHA DTEGNNKTVL KYKCHTMKKL SMTRTLLTEK120  
KEGEENIGGV EWLQIKDNDF SYRPNMICNF LHENEDEEVV ASAPDKSLEL EEEEIQMNR180  
FKPGFVEPGE PIAPWE 196

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

20

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

35

PPAPALRHRE TRRPVASLHV GTGALGARSH PPAGSRHLEF WQKQFARRGA DGQEPNKLLR 60  
LGAEARTQDG GSGRAWPVTR RRGAGPWRR RRTSGVQRTE KTRKRRSSWF WWNYQELLIQ120  
TSSQNVKINA RFWALTLRGP FCKWTAVSLL GSMKTL 156

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

5

RRLEVSYSRQH HFRVSLAPWS KMADEATRRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60  
IRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120  
PELDGKTAKM YR 132

## 10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

LFAISYSVLP VHLCCLSIQL RNCNFWGSSR ICDRNVKLDV KLIFQEVM DI PAFSKPPSSF 60  
LVGLQSEPIV VSILVVLHIP DKGLIFLLQS LHPQLTISGS GVSLQHRDLR HNTSRGFIRH120  
30 LGPGRKRNAE VVLPVAYLKA PSSLLWEDET LGCCCKTSFE 159

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

35

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

ATLPDALPPA TKFFLKAFDD SLPSPIQSYL YIFAVFPSSS GTAISGAVVG YVIGMSNSMS 60  
NSYFRRSWIY QHFPNHRVPS LLDSSRNQSL SAFLLFSTYR IRD 103

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

- 5 (A) LÄNGE: 285 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246

20 AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60  
SPFHDPIPIA DKDVFHMOVVE VPRWSNAKME IATKDPLNPI KQDVKKGKLR YVANLFPYKG120  
YIWNYGAIPO TWEDPGHNDK HTGCCGDNDP IDVCEIGSKV CARGEIIGVK VLGILAMIDE180  
GETDWKVIAI NVDDPDAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDGGK PENEFAFNAE240  
FKDKDFAIDI IKSTHDHWKA LVTKKTNGKR IMLIVQLFVG PLKVC 285

25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

- 30 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

45 TKGLRIAQAQ LCPGSPRCRS QSISRRACAL CLRPESTQNT TYLRKPGGRK RAVGHKSPAE60  
TRVPASVQRS QPPRAHRKSC LASLGLCKNN KCLS 94

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

- 50 (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

DERPSRIQHI SGNPAGASER LAIRAQLKRE YLLQYNDPNR RGLIENPALL RWAYARTINV 60  
YPNFRPTPKN SLMGALCGFG PLIFIYYIIK TERDRKEKLI QEGKLDRTFH LSY 113

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

VFRSGSEIRI DIYCSCIGPT KQGRIFDEPS AVGIVVLKQV LSFQLGSYGQ PLACARRVSG60  
DMLYSAGSRV SGRVRLDGL YFGNDILANQ GTIAPARF 98

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRCVFEL PAENDKPHDV EINKIISTTA 60  
SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LRMKTVQSN120  
SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFFIVG VIIGKIAL 158

5

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

- 10 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

25 VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSDAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDESSL 60  
GREWATWGLL CGADRTPOHA GLQLPKGQH QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

- 30 (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

45

SKGCSITETV TVDPGSIPL LGLTQYRRGA VVFTLKHTFL SDGFRNLRFV VTTSVKGPLN 60  
LRSVGGSRTR ICSSSPWPLR RTPSERQRRR GGGLLAGGGG RWREGRGSEF ASLLFLVRLC120  
STTFLCWQIC FQIDF 135

## 50 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

- (A) LÄNGE: 189 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

15 SMQSAVSFFF FSLDQKKICL PTISLVVWPT VTIFLCVQRH IGFAFNDLLR LENTIKTNCS 60  
ATGQVVYYQI ITSRCQLHIE SFMKFINKEL FFLCGFNKSS RIVQSLVNVI LIIPLNFICC120  
CYLLKYDLFR LLIPLIQEMP RGIPWGNAS YSVNFSSFTF ANIMAEFFLS LVRQLLTEFF180  
ILTILSHGI 189

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

(A) LÄNGE: 300 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

40 KSIWKQICQH KNVVEQSLTR KRRDANSPL PSRHRPPPPA SKPPPALRCL SDGVRLRGHG 60  
EDEQILVLDP PTDLKFKGPF TDVVTNLKL RNPSDRKVCF KVKTAPRRY CVRPNSGIID120  
PGSTVTVSVM LQPFDDYPNE KSKHKFMVQT IFAPPNTSDM EAVWKEAKPD ELMDSKLRCV180  
FEMPENNDKL NDMEPSKAVP LNASKQDGPM PKPHSVSLND TETRKLMEEC KRLQGEMMKL240  
SEENRHLRDE GLRLRKVAHS DKPGSTSTAS FRDNVTSPLP SLLVVIAAIF IGFFLGKFIL300

45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

10 GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGGSGS 60  
HNWGTVKDEL TESP KYIQKQ ISYNYSDLDQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120  
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EHAEDSVMD180  
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240  
EAFPALA 247

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

35 FVEDSSPVVR SATSTFVLVL QARSITSTMP IKFTFATRIK SISSAHSTST APSTLFQDHH60  
DLESRAARA 69

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 220 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

PGRGSMYDRM RRGDGYDGG YGGFDDYGGY NNYGYGNDGF DDRMRDGRGM GGHGYGGAGD 60  
ASSGFHGGHF VHMRLPFRA TENDIANFFS PLNPIRVHID IGADGRATGE ADVEFVTHED120  
AVAAMSKDKN NMQHRYIELF LNSTPGGGSG MGGSGMGGYG RDGMDNQGGY GSVGRMGGMN180  
5 NYSGGYGTPD GLGGYGRGGG GSGGYGQGG MSGGGWRGMY 220

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1105 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 258:

AATGAGCCTG GTGTTAGATG AGTTTTACAG CTCCTCAGG GTGGTGGGTG TCTCTGCTGT 60  
TCTGGGTACT GGATTAGATG AACTCTTTGT GCAAGTTACC AGTGCTGCCG AAGAATATGA 120  
35 AAGGGAGTAT CGTCCTGAAT ATGAACGTCT GAAAAAATCA CTGGCCAACG CAGAGAGCCA 180  
ACAGCAGAGA GAACAACTGG AACGCCTTCG AAAAGATATG GGTTCTGTAG CCTTGGATGC 240  
AGGGACTCCC AAAGACAGCT TATCTCCTGT GCTGCACCCT TCTGATTGA TCCTGACTCG 300  
ACCAACATTG GAAGCAGACA GCGATACTGA TGACATTGAC CACAGAGTTA CAGAGGAAAG 360  
CCATGAAGAG CCAGCATTCC AGAATTTTAT GCAAGAATCG ATGGCACAAT ACTGGAAGAG 420  
40 AAACAATAAA TAGGAGACTT TAGCACACTT CACTTGTTTC TAGAAGTCCA GAATTTTGGA 480  
CCTCCACGTG AAAGAAGTGT TCTTACCTCT GAAGTGGGGG CTCCCATAAG GGATAATTTT 540  
CCTCAGAGTA GCAAAGTTTC TCTTATTAGA GAAATCTTGT GACTCAGATG AAGTCAGGGA 600  
TAGAAGACCC TTGGACCTGG CAGGTTAATG CTGATTATC CTTGGCCTTT CCCTTGTTATT 660  
TATGCAAGGA AGGATATACT GAGCTGATAC TCTTCCAAGC CTACAACCTC AAGTTTATC 720  
45 ATTTGAACTC AAGTACTTTT GCTGCTGAGG AATGGAATCA AAAGAACGTA GTCTCCTGGT 780  
AACCACCTCA GATCTCTATT ATTAGGCTAG ATGTATAGCC TCTACTCCCC CAGCTTCTTG 840  
CTCTTGACCC TGCACTGTAA GTTGCCCTTC TATTAGCAGC CAAGGAAAAG GGAAACATGA 900  
GCTTATCCAG AACGGTGGCA GAGTCTCCTT GGCAATCAAC CAACGTTGCT ATGAAATATG 960  
CCTCACACTG TATAGCTCAT TATAGGACGT CAGGTTTGTG GAAAAAAGTG GGCAAGACAT1020  
50 GATTAATGAA TCAGAATCCT GTTTCATTGG TGACTTGGAT AAAGACTTTT TAATTTTAAA1080  
AAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAA 1105

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

### 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1088 Basenpaare



- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 259:

20  
ATTCCAAACA TGGCGGCTCC ACTAGGGGGT ATGTTTTCTG GGCAGCCACC CGGTCCCCCT 60  
CAGGCCCCGC CGGGCCTTCC GGGCCAAGCT TCGCTTCTTC AGGCAGCTCC AGGCGCTCCT 120  
AGACCTTCCA GCAGTACTTT GGTGGACGAG TTGGAGTCAT CTTTCGAGGC TTGCTTTGCA 180  
25 TCTCTGGTGA GTCAGGACTA TGTC AATGGC ACCGATCAGG AAGAAATTCG AACCGGTGTT 240  
GATCAGTGTA TCCAGAAGTT TCTGGATATT GCAAGACAGA CAGAATGTTT TTTCTTACAA 300  
AAAAGATTGC AGTTATCTGT CCAGAAACCA GAGCAAGTTA TCAAAGAGGA TGTGTCAGAA 360  
CTAAGGAATG AATTACAGCG GAAAGATGCA CTAGTCCAGA AGCACTTGAC AAAGCTGAGG 420  
CATTGGCAGC AGGTGCTGGA GGACATCAAC GTGCAGCACA AAAAGCCCCG CGACATCCCT 480  
30 CAGGGCTCCT TGGCCTACCT GGAGCAGGCA TCTGCCAACA TCCCTGCACC TCTGAAGCCA 540  
ACGTGAGCAA AGGGCAGAGG CAGTTGGCCT ATGAGTGGGC TGATGCGTGA GGTTGGCCAC 600  
ACATTCCTTC CTGTGGACTT GACATTTTGG AAGAACTCTT TGCCAGATAA TGAGTTCATT 660  
TTAGTTTTAT GCTCCCATTTG AAAAATTTTC CACTATTTTT ATAAGCTGTT AATTTCTTGA 720  
GTACTTTATA ACATGTCTGT AGCTTGATA AACCAAGTAA GTATTTTTTT TTTGTCTTTA 780  
35 GCGAAGTTTA GACTGTGAAT ATGATGACAC AGATTCTTTT TTATGGTGGC TTTGCTTGTT 840  
TTAAATTTTT GCATGACTTT TCATCTTTTT ATGTGTGTTT CCTGTAGTTT GATCCGAAGG 900  
AAAAGAGTAT AGTAGCCTGA GAATCAGGAG ATGGGAGTTT TAGTCGTAGG CTTATGATA 960  
ATTACCCCGC GGTGGTGTGT AGAAAAGTAT GTAAATTTGC TCTGTTTTAA GACTTTGAAC1020  
TACCTCAAGA AGAGGAATCT AATACAATAT TTGTAATGTT AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1080  
40 AAAAAAAA 1088

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 3292 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 260:

10

ATGCCGAACT TCTGCGCTGC CCCCAACTGC ACGCGGAAGA GCACGCAGTC CGACTTGGCC 60  
TTCTTCAGGT TCCCGCGGGA CCCTGCCAGA TGCCAGAAGT GGGTGGAGAA CTGTAGGAGA 120  
GCAGACTTAG AAGATAAAAC ACCTGATCAG CTAATAAAC ATTATCGATT ATGTGCCAAA 180  
15 CATTTTGAGA CCTCTATGAT CTGTAGAACT AGTCCTTATA GGACAGTTCT TCGAGATAAT 240  
GCAATACCAA CAATATTTGA TCTTACCAGT CATTGAACA ACCCACATAG TAGACACAGA 300  
AAACGAATAA AAGAACTGAG TGAAGATGAA ATCAGGACAC TGAACAGAA AAAAATTGAT 360  
GAAACTTCTG AGCAGGAACA AAAACATAAA GAAACCAACA ATAGCAATGC TCAGAACCCC 420  
AGCGAAGAAG AGGGTGAAGG GCAAGATGAG GACATTTTAC CTCTAACCTT TGAAGAGAAG 480  
20 GAAAACAAAG AATACCTAAA ATCTCTATTT GAAATCTTGA TTCTGATGGG AAAGCAAAAC 540  
ATACCTCTGG ATGGACATGA GGCTGATGAA ATCCAGAAG GTCTCTTTAC TCCAGATAAC 600  
TTTCAGGCAC TGCTGGAGTG TCGGATAAAT TCTGGTGAAG AGGTCTGAG AAAGCGGTTT 660  
GAGACAACAG CAGTTAACAC GTTGTTTTGT TCAAAAACAC AGCAGAGGCA GATGCTAGAG 720  
ATCTGTGAGA GCTGTATTCG AGAAGAAACT CTCAGGGAAG TGAGAGACTC ACACCTCTTT 780  
25 TCCATTATCA CTGACGATGT AGTGGACATA GCAGGGGAAG AGCACCTACC TGTGTTGGTG 840  
AGGTTTGTG ATGAATCTCA TAACCTAAGA GAGGAATTTA TAGGCTTCCT GCCTTATGAA 900  
GCCGATGCAG AAATTTTGGC TGTGAAATTT CACACTATGA TAACTGAGAA GTGGGGATTA 960  
AATATGGAGT ATTGTCGTGG CCAGGCTTAC ATTGTCTCTA GTGGATTTTC TTCCAAAATG1020  
AAAGTTGTG CTTCTAGACT TTTAGAGAAA TATCCCCAAG CTATCTACAC ACTCTGCTCT1080  
30 TCCTGTGCCT TAAATATGTG GTTGGCAAAA TCAGTACCTG TTATGGGAGT ATCTGTTGCA1140  
TTAGGAACAA TTGAGGAAGT TTGTTCTTTT TTCCATCNGA TCACCACAAC TGCTTTTAGA1200  
ACTTGACAAC GTAATTGCTG TTCTTTTTCA GAACAGTAAA GAAAGGGGTA AAGAACTGAA1260  
GGAAATCTGC CATTCTCAGT GGACAGGCAG GCATGATGCT TTTGAAATTT TAGTGGAACT1320  
CCTGCAAGCA CTTGTTTTAT GTTTAGATGG TATAAATAGT GACACAAATA TTAGNATGGG1380  
35 AATAACTATA TAGCTGGCCG AGCATTTNGT ACTCTGCAGT GCAGTGTGAG ATTTTGATTT1440  
CATTGTTACT ATTGTTGTTT TTAATAATGT CCTATCTTTT ACAAGAGCCT TTGGGAAAAA1500  
CCTNCCANGG GGCAACCTC GTGATGTCTT CTTTGCGGCC GGTAGCTTGA CTNGCAGTAC1560  
TGNNCATTCA CNTCAACGAA GTGAGTGGGA AAATATTNGA AGTTTATCAT GAATTTTGGT1620  
TTGAGGAAGC CACAAATTG GCAACCAAACT TTGATATTCA AATGAAACTC CTGGGAAAT1680  
40 TCCGAGAGC TCACCNAGG GTAACTTGGG ATCTCAGCTA ACNCTCTGAG AGTTACTATA1740  
AAGAAACCCN TAAGTGTCCC AACAGTGGAG CACATTATTC AGGAACTTAA AGATATATTC1800  
TCAGAACAGC ACCTCAAAGC TCTTAAATGC TTATCTCTGG TACCCTCAGT CATGGGACAA1860  
CTCAAATTCA ATACGNTCNG GAGGAACACC ATGCTGACAT GTATAGAAGT GACTTACCCA1920  
ATCCTGACAC GCTGTCAGCT GAGCTTCATT GTTGAGAAAT CAAATGGAAA CACAGGGGGA1980  
45 AAGATATAGA GCTTCCGTCC ACCATCTATG AAGCCCTCCA CCTGCCTGAC ATCAAGTTTT2040  
TTCCTAATGT GTATGCATTG CTGAAGGTCC TGTGTATTCT TCCTGTGATG AAGGTTGAGA2100  
ATGAGCGGTA TGAAAATGGN ACGAAAGCGT CTTTAAAGCA TATTTGAGGG AACACTTTGA2160  
CAGACCCAAA GGTCAAGTAA CTTGGCTTTT GCTTTAACAT AAATTTTGGG TATTTAAACA2220  
CGACCTGGAT TTAATGGTGG ACACATATAT TAAACTCTAT ACAAGTAAGT CAGAGCTTCC2280  
50 TACAGATAAT TCCGAAACTG TGGNAAAATA CCTAAGAGAC TTTTAAAAAT AGGCTTTCTT2340  
ATATTTGATA TTTGGAAGAA AAAGCCGTAA GGTGTATGTA GACCACTTAA TCACTAAATA2400  
TCTTTGCCTA TAGGACTCCA TTGAATACAT TAGCCATTGA TAATCTACCT GTTTAAATGG2460  
CCCTGTGTTG AACTCTCAAG CTTTGAAGAC CTACCTGTTT TTCCAGAAGA GAACGTTGAA2520  
AGTGCCATGT TTCCNTTTTG CGTGATCTCT GTTGATGGCA CTCTGGAATT GTTTTCAAGTA2580  
55 AGTCATTTTA GACATAGCAT TTTATATCAC TGTGGNATCT CTAAGTGTG GGTGTTATGA2640  
ATTCTTTGNA AGNAAATATA TTTTNGAAGA GGTGTGGGNA GGNAAGGAAT ACNATTTTAT2700  
NAAATGTTG TAGTGNAAGN CCCACAATTN GACCTTTNGA CTAATANGGA GTTTTAAAGTA2760  
TNGTTAAATA TNCTATACTG GNNACAGNTT ACAAGAAAT ACCGGAGAAA AGCTGTGAG2820  
CTCACCNAAA CAAGGNATTT NCAGTGTAGA TTTTGTCTNT TCTTGAACNT TNAAAGAAAN2880  
60 CAAATGANCA AAGTTTGAAT NGGAAAAGCC TGCTGTTGTT CCNACATCTC NGTTGCTGTT2940  
NNTACANTTC CNNNTTGTG GAGNCCTACN ATCTTNCCTA AGCTTTTNA GCANGGTATA3000

TNGTTGAACA CTTCTNGTTT CATGGTTGAG ACAGAATCAG AGGCCATGGA TACTGACAAC3060  
TGATTTGTCT GTTTTTTTTC TCTGTCTTN TTCCATGACT CTTATATACT GCCTCATCTT3120  
GATTTATAAG CNAANNCCT GGANAAACCT ANCAAAATAA GTGTTGTGGT TTATCTAGAA3180  
AAATATGGAA AATATTGCTG TTATTTTGG TGAAGAAAAT CNAATTTTGT ATAGTTTATT3240  
5 TCAATCTAAA TAAAATGTGA ATTTTGTTA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AA 3292

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
10 (A) LÄNGE: 1196 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 261:
- 30

GGTAGAAAAT GCAATAAATT CTGGGACAAT GCCCAGACCT CTGGCATAGA GGAGCCTTCT 60  
GAGACAAAGG GTTCTATGCA AAAAAGCAAA TTCAAATATA AGTTGGTTCC TGAAGAAGAA 120  
ACCACTGCCT CAGAAAATAC AGAGATAACC TCTGAAAGGC AGAAAGAGGG CATCAAATTA 180  
35 ACAATCAGGA TATCAAGTCG GAAAAAGAAG CCCGATTCTC CCCCCAAGT TCTAGAACCA 240  
GAAAACAAGC AAGAGAAGAC AGAAAAGGAA GAGGAGAAAA CAAATGTGGG TCGTACTTTA 300  
AGAAGATCTC CAAGAATATC TAGACCCACT GCAAAAGTGG CTGAGATCAG AGATCAGAAA 360  
GCTGATAAAA AAAGAGGGGA AGGAGAAGAT GAGGTGGAAG AAGAGTCAAC AGCTTTGCAA 420  
AAAAC TGACA AAAAGGAAAT TTTGAAAAAA TCAGAGAAAG ATACAAATTC TAAAGTAAGC 480  
40 AAGGTAAAC CCAAAGGCAA AGTTGATGAG ACTGGTTCTC GGACACGTGG CAGATGGAAA 540  
TATTCCAGCA ATGATGAAAG TGAAGGGTCT GGCAGTGAAG AATCATCTGC AGCTTCAGAA 600  
GAGGAGGAAG AAAAGGAAAG TGAAGAAGCC ATCCTAGCAG ATGATGATGA ACCATGCAAA 660  
AAATGTGGCC TTCCAAACCA TCCTGAGCTA ATTCTTCTGT GTGACTCTTG CGATAGTGGA 720  
TACCATACTG CCTGCCTTCG CCCTCCTCTG ATGATCATCC CAGATGGAGA ATGGTTCTGC 780  
45 CCACCTTGCC AACATAAACT GCTCTGTGAA AAATTAGAGG AACAGTTGCA GGATTTGGAT 840  
GTTGCCTTAA AGAAGAAAGA GCGTGCCGAA CGAAGAAAAG AACGCTTGGT GTATGTTGGT 900  
ATCAGTATTG AAAACATCAT TCCTCCACAA GAGCCAGACT TTTCTGAAGA TCAAGAAGAA 960  
AAGAAAAAAG ATTCAAAAAA ATCCAAAGCA AACTTGCTTG AAAGGAGGTC AACAAGAACA1020  
AGGAAATGTA TAAGCTACAG ATTTGATGAG TTTGATGAAG CAATTGATGA AGCTATTGAA1080  
50 GATGACATCA AAGAAGCCGA TGGAGGAGGA GTTGGCCGAG GAAAAGATAT CTCCACCATC1140  
ACAGGTCATC GTGGGAAAGA CATCTCTACT ATTTTGGATG AAAAAATAAT AACGGC 1196

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1467 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- 15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 262:

```
AAGGACGCTT GCCTTTTTC GGTGCGGGAA GGGGAAGAA GGTAACCTCC GGTGACGGGG 60
TTGCATCACT TCCTCTCAAG CTTGGGCGTT TGTGTTGGTGG GGTTACACGC GGGTTCAACA 120
TGCGTATCGA AAAGTGTTAT TTCTGTTCCG GGGCCATCTA TCCTGGACAC GGCATGATGT 180
25 TCGTCCGCAA CGATTGCAAG GTGTTGAGAT TTTGCAAATC TAAATGTCAT AAAAAGTTTA 240
AAAAGAAGCG CAATCCTCGC AAAGTTAGGT GGACCAAAGC ATTCCGGAAA GCAGCTGGTA 300
AAGAGCTTAC AGTGGATAAT TCATTTGAAT TTGAAAAACG TAGAAATGAA CCTATCAAAT 360
ACCAGCGAGA GCTATGGAAT AAACTATTG ATGCGATGAA GAGAGTTGAA GAAATCAAAC 420
AGAAAGCGCCA AGCTAAATTT ATAATGAACA GATTGAAGAA AAATAAAGAG CTACAGAAAG 480
30 TTCAGGATAT CAAAGAAGTC AAGCAAAACA TCCATCTTAT CCGAGCCCCT CTTGCAGGCA 540
AAGGGAACA GTTGAAGAG AAAATGGTAC AGCAGTTACA AGAGGATGTG GACATGGAAG 600
ATGCTCCTTA AAAATCTCTG TAACCATTTC TTTTATGTAC ATTTGAAAAT GCCCTTTGGA 660
TACTTGGAAC TGCTAAATTA TTTTATTTT TACATAAGGT CACTTAAATG AAAAGCGATT 720
AAAAGACATC TTTCTGCAAT TGCCATCTAC ATAATATCAG ATATTACGGA TGTTAGATTG 780
35 CATCTCAGTG TTAATCTTT ACTGATAGAT GTACTTAAGT AAATCATGAA AATTCTACTT 840
GTAATATAG AAGTGAATTG TGGACGTAAA ATGGTTGTGC TATTTGGATA ATGGCACTAG 900
GCAGCATTTG TATAGTAACT AATGGCAAAA ATTCATGGCT AGTGATGTAT AAAATAAAAT 960
ATTTTTTGCA GTAAATATT CCCTTTGTTA ATGTTATAGA AGGGGGGATA CAAAAGGAA1020
CTAACAATTT GTATGCGAGT GTCAGATATT TTTATTTTAG TATTTCTGT TTTGGTTTAT1080
40 TTGCATCTTA GAAGAGCATA ATGACATTGT TTGATGAAGC CTAATTATGC TGGACTGTTT1140
TGACCTGGTT TAACCCTTCT GATAGGTAGT TGTGGATGCT GGGGATGAGA ACTGAATAAT1200
CTTTGCCTGG AGTGACACTA CACTCTAGAA TTTCCACTTT GGAGAATACT CAGTTCCAAC1260
TTGTGATTCC TGATAGAACA GACTTTACTT TTCTAGCCCA GCATTGATCT AGAAGCAGAG1320
GAATCCGAGC GCCTTTTAAA AGTTGTTATG TGGTTTCTT TTAATAAGCT CCTGTTTTTG1380
45 GAAAGTAGAA TTTATGGGTA CAACGTATGT TCATTATTTG TACATAAAAT AAAACCATTT1440
AAAAAGTAAA AAAAAAAAAA AAAAAAC 1467
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 739 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 263:

15

CGGCTCGAGC CCCGCTCAGT CACCCGCAGC AGGCGTGCAG TTTCCCGGCT CTCCGCGCGG 60  
CCGGGGAAGG TCAGCGCCGT AATGGCGTTC TTGGCGTCGG GACCCTACCT GACCCATCAG120  
CAAAGGTGT TGCGGCTTTA TAAGCGGGCG CTACGCCACC TCGAGTCGTG GTGCGTCCAG180  
20 AGAGACAAAT ACCGATACTT TGCTTGTTTG ATGAGAGCCC GGTTTGAAGA ACATAAGAAT240  
GAAAAGGATA TGGCGAAGGC CACCCAGCTG CTGAAGGAGG CCGAGGAAGA ATTCTGGTAC300  
CGTCAGCATC CACAGCCATA CATCTTCCCT GACTCTCCTG GGGGCACCTC CTATGAGAGA360  
TACGATTGCT ACAAGGTCCC AGAATGGTGC TTAGATGACT GGCATCCTTC TGAGAAGGCA420  
ATGTATCCTG ATTACTTTGC CAAGAGAGAA CAGTGGAAGA AACTGCGGAG GGAAAGCTGG480  
25 GAACGAGAGG TTAAGCAGCT GCAGGAGGAA ACGCCACCTG GTGGTCCTTT AACTGAAGCT540  
TTGCCCCCTG CCCGAAAGGA AGGTGATTG CCCCCACTGT GGTGGTATAT TGTGACCAGA600  
CCCCGGGAGC GGCCCATGTA GAAAGAGAGA GACCTCATCT TTCATGCTTG CAAGTGAAAT660  
ATGTTACAGA ACATGCACTT GCCCTAATAA AAAATCAGTG AAATGGAAAA AAAAAAAAAA720  
30 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA 739

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2146 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 264:

```

TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT TCCCAGGCC TCTTTTTATT TACAGTGATA CCAAACCATC 60
CACTTGCAAA TTCTTTGGTC TCCCATCAGC TGGAAATTAAG TAGGTACTGT GTATCTTTGA 120
GATCATGTAT TTGTCTCCAC CTTGGTGGAT ACAAGAAAGG AAGGCACGAA CAGCTGAAAA 180
5 AGAAGGGTAT CACACCGCTC CAGCTGGAAT CCAGCAGGAA CCTCTGAGCA TGCCACAGCT 240
GAACACTTAA AAGAGGAAAG AAGGACAGCT GCTCTTCATT TATTTTGAAA GCAAATTCAT 300
TTGAAAGTGC ATAAATGGTC ATCATAAGTC AAACGTATCA ATTAGACCTT CAACCTAGGC 360
TATTTAATAA TACACCACAC TGAAATTATT TGCCAAATGAA TCCCAAAGAT TTGGTACAAA 420
TAGTACAATT CGTATTTGCT TTCCTCTTTC CTTTCTTCAG ACAAACACCA AATAAAATGC 480
10 AGGTGAAAGA GATGAACCAC GACTAGAGGC TGACTTAGAA ATTTATGCTG ACTCGATCTA 540
AAAAAAATTA TGTGTGGTAA CGTTAACCTA TCTAAAATCG GGCCCTTTCG GCAAGCCTTT 600
CAAAGGAGGT CAAGTCACAG TCATACAGCT AGAAAAGTCC CTGAAAAAAA GAATTGTAA 660
GAAGTATAAT AACCTTTTCA AAACCCACAA CGCAGCTTAG TTTTCCTTTA TTTATTTGTG 720
GTCATGAAGA CTATCCCCAT TTCTCCATAA AATCCTCCCT CCATACTGCT GCATTATGGC 780
15 ACAAAGACT CTAAGTGCCA CCAGACAGAA GGACCAGAGT TTCCGATTAT AAACAATGAT 840
GCTGGGTAAT GTTTAAATGA GAACATTGGA TATGGATGGT CAGATGAAAG CTCGAGCCGA 900
ATTCGGCTCG AGCTTTCATC TGACCATCCA TATCCAATGT TCTCATTTAA ACATTACCCA 960
GCATCATTGT TTATAATCAG AAACCTCTGGT CTTTCTGTCT GGTGGCACTT AGAGTCTTTT1020
GTGCCATAAT GCAGCAGTAT GGAGGGAGGA TTTTATGGAG AAATGGGGAT AGTCTTCATG1080
20 ACCACAAATA AATAAAGGAA AACTAAGCTG CATTGTGGGT TTTGAAAAGG TTATTATACT1140
TCTTAACAAT TCTTTTTTCA GGGACTTTTC TAGCTGTATG ACTGTTACTT AACTATCTA1200
AAATAGAGCA TTTTGGTATC TTTTCATCTGA CCATCCATAT CCAATGTTCT CATTTAAACA1260
TTACCCAGCA TCATTGTTTA TAATCAGAAA CTCTGGTCCT TCTGTCTGGT GGCATTAGA1320
GTCTTTTGTG CCATAATGCA GCAGTATGGA GGGAGGATTT TATGGAGAAA TGGGGATAGT1380
25 CTTTCATGACC ACAAATAAAT AAAGGAAAAC TAAGCTGCAT TGTGGGTTTT GAAAAGGTTA1440
TTATACTTCT TAACAATTCT TTTTTTCAGG GACTTTTCTA GCTGTATGAC TGTACTTGA1500
CCTTCTTTGA AAAGCATTC CAAAATGCTC TATTTTAGAT AGATTAACAT TAACCAACAT1560
AATTTTTTTT AGATCGAGTC AGCATAAAT TCTAAGTCAG CCTCTAGTCG TGGTTCATCT1620
CTTTCACCTG CATTTTATTT GGTGTTTGTG TGAAGAAAGG AAAGAGGAAA GCAAATACGA1680
30 ATTGTACTAT TTGTACCAAA TCTTTGGGAT TCATTGGCAA ATAATTTCAG TGTGGTGTAT1740
TATTAAATAG AAAAAAAAAA TTTTGTTCCT TAGGTTGAAG GTCTAATTGA TACGTTTGAC1800
TTATGATGAC CATTTATGCA CTTTCAAATG AATTTGCTTT CAAAATAAAT GAAGAGCAGC1860
TGTCTTCTT TCCTCTTTTA AGTGTTCAGC TGTGGCATGC TCAGAGGTTT CTGCTGGATT1920
CCAGCTGGAG CGGTGTGATA CCCTCTTTT TCAGCTGTTC GTGCCTTCCT TTCTTGATC1980
35 CACCAAAGTG GAGACAAATA CATGATCTCA AAGATACACA GTACCTACTT AATTCCAGCT2040
GATGGGAGAC CAAAGAATTT GCAAGTGGAT GGTTTGGTAT CACTGTAAAT AAAAAGAGGG2100
CCTGGGAATT CTTGCGATTC CATCTCTAAA AAAAAAAAAA AAAAAA 2146

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

40

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1020 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 265:

5  
CAAGTAAATG CAGCACTAGT GGGTGGGATT GAGGCTATGC CCTGGTGCAT AAATAGAGAC 60  
TCAGCTGTGC TGGCACACTC AGCGGCTCTG GACCGCATCC TAGCCGCCGA CTCACACAAG 120  
GCAGGTGGGT GAGGAAATCC AGAGTTGCCA TGGAGAAAAT TCCAGTGTCA GCATTCTTGC 180  
TCCTTGTGGC CCTCTCTAC ACTCTGGCCA GAGATACCAC AGTCAAACCT GGAGCCAAAA 240  
10 AGGACACAAA GGACTCTCGA CCCAACTGC CCCAGACCCT CTCCAGAGGT TGGGGTGACC 300  
AACTCATCTG GACTCAGACA TATGAAGAAG CTCTATATAA ATCCAAGACA AGCAACAAAC 360  
CCTTGATGAT TATTCATCAC TTGGATGAGT GCCCACACAG TCAAGCTTTA AAGAAAGTGT 420  
TTGCTGAAAA TAAAGAAATC CAGAAATTGG CAGAGCAGTT TGTCTCTCTC AATCTGGTTT 480  
ATGAAACAAC TGACAAACAC CTTTCTCCTG ATGGCCAGTA TGTCCCAGG ATTATGTTT 540  
15 TTGACCCATC TCTGACAGT AGAGCCGATA TCACTGGAAG ATATTCAAAC CGTCTCTATG 600  
CTTACGAACC TGCAGATACA GCTCTGTTGC TTGACAACAT GAAGAAAGCT CTCAAGTTGC 660  
TGAAGACTGA ATTGTAAAGA AAAAAATCT CCAAGCCCTT CTGTCTGTCA GGCCTTGAGA 720  
CTTGAAACCA GAAGAAGTGT GAGAAGACTG GCTAGTGTGG AAGCATAGTG AACACACTGA 780  
TTAGGTTATG GTTTAATGTT ACAACAATA TTTTTAAGA AAAACAAGTT TTAGAAATTT 840  
20 GGTTCCAAGT GTACATGTGT GAAAACAATA TTGTATACTA CCATAGTGAG CCATGATTTT 900  
CTAAAAAAA AAATAAATGT TTTGGGGTGT TTCTGTTTTT TCCAAAAAAA AAAAAAAA 960  
AAAAAAA AAAAATTGCC CCCAAGGGGA CGGGTTACAA TTGGGGGGCG1020

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

25

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1652 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 266:

50 AATTCGGATC CATGGGCCAC AGTGGATGGC TTGAAATGTG GCTGAGCGCT TCGGACAATT 60  
CGGATCCATG NNNNGTGGCC ACCCCAAGAC GCGCCCCAGC CCGCCATGGC CCGGATCCTN 120  
NCCGGGNNTC CTGCCTTCTG TCCCTGCTCC TGGCCGGNGT TTGTTCCGCC GGGCCGGGGA 180  
CAAGAGAAGT CTAAGACAGA CTGCCATGGC GGTNATGAGT GGTACCATCT ACGAGTATGG 240  
AGCCCTCACC ATCGATGGGG AGGAATACAT TCCTTTTAAG CAGTATGCAG GCAAATATAT 300  
CCTCTTTGTC AACGTAGCCA GCTACTGAGG TCTGACAGAC CAATACCTTG AACTGAATGC 360  
55 ACTACAAGAA GAACTTGGGC CATTTGGCTN TGGTCATTCT GGGCTTCCCT TCCAACCAAT 420  
TTGGCAAACA GGAGCCAGGC GAGAACTCGG AGATACTCCC CAGTCTCAAG TATGTTTCNN 480  
ACCAGGTNNG GGGGCTTGT GNCCTAATTN NNNTCCAGNC TCNTTTGAGA AANNGGANGA 540

5 TNGTNGAACN GGGGAGNAAA GAGCNAGAAA TTCTACACTT TCCTGAAGAA CTCCTGCCCT 600  
CCCACTGCAG NAACTCCTGG GNCTCANCCT GGCCGCNCTC TTTTGGGAAC CCATGAAGAT 660  
CCATGACATN CCGCTGGAAC TTTGAGAAGT TCCTGGTNGG GGCCNAGANT GGCATACCGG 720  
TTATGCGCTG GTACCACCGG ACCACAGTCN AGCAACGTCN AAGATGGACA TCCTGNTCNT 780  
10 TACATGAGGC GGCAGGCANG CCTTGANGCG CCNAGGGGGN AAGTAACTGA NTGCCCNNNC 840  
CACCCTACCC CTACCCCTG CCCATCATNG CAAGGGCCGA NGGAGGGGCT CTTNCAGGAA 900  
GGAAGCCACA TTCCCAGTCA TTCTNANCCC CCACCCAGA TTCTCTTNC TTNATTACAT 960  
AAAAGACAAG CCNTGGCACA ACTGTGTGTC TGAACCACTG TNGGACACGT GACAATTGTN1020  
CCCAGTGTGT GCATGGCTAC ACAGNCCACG TATCTGCCTG CNTTGAAACC CANGGGNATG1080  
15 GTCCATCNTG TNGTTTACGG NCTTGGCACA ACACCCNNTC ATATTTTTTT CAGCNTTTCT1140  
GTTCCAAANN TGAGNNCCCA AANNGGAAAC ACNAANGTTC TNAGGTCCNA ATNGGTTCTG1200  
CTCAAANCCN TGANACATNC ATTCTNTGGG GNCCANGCAT CNTCCACAT NGCCACACN1260  
TACACACCAC CNAGCCTCCT TCTTCCTTNC CTGNAAGGAC CCNTCCNNNN TGAGCCCCCA1320  
AGCCNCATCC CACAGTGCNT CCTGAGACCA GCCAAGACAA CTGTGAGCGC GATGGCCGTG1380  
20 TANCCCCAGG TNCAGGGGNT GGTGTCTCTA TGAAGGANNG GGNNCCCGNA AGCCCTTGTN1440  
GGGNCGGNGC CTCCCTGAG CCCNGTCTGT GGTGCCNAGC CCTTAGTGCA TTCAGGCTTA1500  
GGCTCCCNAG GCANGGACA CTACCCCGC GCCTCTGGAG GACATGCTAT CCTCTCACTC1560  
TGTCCACTGG TATCTCAACA CCCCCTCTG CCCAGTAAAG GTCTTTCTGC AGCAAAAAA1620  
AAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA GG 1652

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 1409 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 267:

45 GGAGTGGCCC TCTGTGAGGG GCTCAAATGG TTGCAATTCA TGGCGCGTTA CGACTTGGCT 60  
CACTTAATCA AATCCCTACC AACTCTAACT TGCCGAAGGA AGAACTTGAC CTCTTGGAGA 120  
ACCTCGATT GGTTTTTCCT GCCATTTAGA TGTTGAAGTA CCCCATGAAG AGCTGCAAAA 180  
ATTCTCAAAG GTGGATTACA GGAGGTGGCA GAACAGTTAG AGCTGGAACG GATAGGACCA 240  
50 CAACATCAGG CAGGATCTGA TTCATTGCTC ACAGGAATGG CCTTTTTCAA AATGAGAGAA 300  
ATGTTCTTTG AAGATCATAT TGATGATGCC AAATATTGTG GTCATTTGTA TGGCCTTGGT 360  
TCTGGTTCAT CCTATGTACA GAATGGCACA GGAATGCAT ATGAAGAGGA AGCCAACAAG 420  
CAGTCATGAC ATGAAATAGT CCTTTTATTT TTATTTTCGAG CTACACACAT GCTTGTATAT 480  
AGGTTTATC TCTGGTTGAA TCCCTCGAAC AATAGACAGT ACCTTTCCCC CCCCTTTCAT 540  
55 GGCCCATTTT ATTGCTGCC TTTCACTACT AAGTATGACC GTTCCTATCT CAGATCTTAA 600  
TAAAAAGAAA AAAAAAACG CATTCAAGTT AAATTTGGCC TTAATTTAAT ATACTTGTTA 660  
GCAAGCGTGT GTGACAGAGA GTGGGGAAAG CTACATCATT GAATATTTTG ATAACTTTA 720  
CCGACTTGAG TTTGGTTTAT TTTTCCCTTT TCCTAAATTA ACTAGCACTG ACTGTAATTT 780



ATTTCCCTGT TTCACGTCTC TCCCTTCCAT TCTGCAGGAG TTTTAGCTAT TTGAGATCGT 840  
GGACCATCAG TTTTGCACCT TAGAGAGTGT TTCTGACTCT AAACCTGTTT TATCAGAAAA 900  
TTTGTTTTTT CTTGATCTTA GCTGGAAAAA TCTGCCAACT TTACACAGTA TTTACTTGGT 960  
TTTGACCCAC AGAATATAGC ACGTTGTGCA AACTGTTCGAT TCAGCGAAAC TTAAAAAGA1020  
5 CAAGAACTA CTGAGGAGCT TAGTAACTGC TGTTCCTGTA CGTAGTGTTC AATCTTCCAA1080  
GCACATCTAG TGTCTGTCAG TTTCTAATTG GCATGTGTAG GCTGCTCTGT GACTGAAGAA1140  
TTTTCAAACC AGCTTTACAC CCTTCAGGAA AAATCCCTGT GATTGGATGG TTACTATCTG1200  
CCAGGAACCT GTACCCAGAT GTGAAGCACA GTTATTATGA TAGACACTTC CTGAGTGCTA1260  
TTGTATCCAC ACCATTACCT TTTTTTTTAA ATTGGAGCCA TCTATGAGCC TGATTGTGGT1320  
10 CGCAACCATT GTAAAACCCA GAAAGCCTAG GGATTGGCCA ATAATTGGGG AAATGGTGCA1380  
GTGCCAAGGA AATGGGATGG CAAAAGAAG 1409

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 900 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 268:

CCCACGCGTC CCGGAAACGG CGGCGGCGGC GACAGGACCG AGGGGCCTTA GTTGGTGGGC 60  
AAGTCGGGGA TCCCAGAAAG AGAAGCGTGA CCCGGAAGCG GAAACGGGTG TCCGTCCCAG120  
40 CTCCGGCCTG CCAAGTGGCT TCTACCATCA TGGACCTATT GTTCGGGCGC CGGAAGACGC180  
CAGAGGAGCT ACTGCGGCAG AACCAGAGGG CCCTGAACCG TGCCATGCGG GAGCTGGACC240  
GCGAGCGACA GAAACTAGAG ACCCAGGAGA AGAAAATCAT TGCAGACATT AAGAAGATGG300  
CCAAGCAAGG CCAGATGGAT GCTGTTTCGA TCATGGCAAA AGACTTGGTG CGCACCCGGC360  
GCTATGTGCG CAAGTTTGTA TTGATGCGGG CCAACATCCA GGCTGTGTCC CTCAAGATCC420  
45 AGACACTCAA GTCCAACAAC TCGATGGCAC AAGCCATGAA GGGTGTACC AAGGCCATGG480  
GCACCATGAA CAGACAGCTG AAGTTGCCCC AGATCCAGAA GATCATGATG GAGTTTGAGC540  
GGCAGGCAGA GATCATGGAT ATGAAGGAGG AGATGATGAA TGATGCCATT GATGATCCA600  
TGGGTGATGA GGAAGATGAA GAGGAGAGTG ATGCTGTGGT GTCCCAGGTT CTGGATGAGC660  
TGGGACTTAG CCTAACAGAT GAGCTGTGCA ACCTCCCCTC AACTGGGGGC TCGCTTAGTG720  
50 TGGCTGCTGG TGGGAAAAAA GCAGAGGCCG CAGCCTCAGC CCTAGCTGAT GCTGATGCAG780  
ACCTGGAGGA ACGGCTTAAG AACCTGCGGA GGGACTGAGT GCCCCTGCCA CTCCGAGATA840  
ACCAGTGGAT GCCCAGGATC TTTTACCACA ACCCTCTGT AATAAAAGAG ATTTGACACT900

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

55

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1145 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 269:

```
GGGCCCCGCC CAGGCGGCTG CCCGTGACCT GCCTGGGCGC GGGGAAGTGA AAGCCGGAAG 60
GGGCAAGACG GGTTCAAGTTC GTCATGGGGC TGTTTGAAAA GACCCAGGAG AAGCCGCCCA 120
AAGAACTGGT CAATGAGTGG TCATTGAAGA TAAGAAAGGA AATGAGAGTT GTTGACAGGC 180
25 AAATAAGGGA TATCCAAAGA GAAGAAGAAA AAGTGAACG ATCTGTGAAA GATGCTGCCA 240
AGAAGGGCCA GAAGGATGTC TGCATAGTTC TGGCCAAGGA GATGATCAGG TCAAGGAAGG 300
CTGTGAGCAA GCTGTATGCA TCCAAAGCAC ACATGAACTC AGTGCTCATG GGGATGAAGA 360
ACCAGCTCGC GGTCTTGCGA GTGGCTGGTT CCCTGCAGAA GAGCACAGAA GTGATGAAGG 420
CCATGCAAAAG TCTGTGAAG ATTCCAGAGA TTCAGGCCAC CATGAGGGAG TTGTCCAAAG 480
30 AAATGATGAA GGCTGGGATC ATAGAGGAGA TGTTAGAGGA CACTTTTGAA AGCATGGACG 540
ATCAGGAAGA AATGGAGGAA GAAGCAGAAA TGGAAATTGA CAGAATTCTC TTTGAAATTA 600
CAGCAGGGGC CTTGGGCAAA GCACCCAGTA AAGTGAAGTGA TGCCCTTCCA GAGCCAGAAC 660
CTCCAGGAGC GATGGCTGCC TCAGAGGATG AGGGGAGGA GGAAGAGGCT CTGGAGGCCA 720
TGCAGTCCCG GCTGGCCACA CTCCGAGCT AGGGGCTGCC TACCCGCTG GGTGTGCACA 780
35 CACTCCTCTC AAGAGCTGCC ATTTTATGTG TCTCTGCAC TACACCTCTG TTGTGAGGAC 840
TACCATTTTG GAGAAGGTTT TGTGTGTCTC TTTTCATTCT CTGCCAGGT TTTGGGATCG 900
CAAAGGGATT GTTCTTATAA AAGTGGCATA AATAAATGCA TCATTTTATG GAGTATAGAC 960
AGATATATCT TATTGTGGG AGGGGAAAGA AATCCATCTG CTCATGAAGC ACTTCTGAAA1020
ATATAGGTGA TTGCCTGAAT GTCGAAGACT CTACTTTTGT CTATAAAACA CTATATAAAT1080
40 GAATTTTAAT AAATTTTGC TTTAGCACTT GGCCCATTTG TAGATTGCCC TGTGCAGTAA1140
ACTTT 1145
```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1836 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 270:

```

15 GTTGCGACAT GCAGTGCGCC GGAGGAACTG TGCTCTTTGA GGCCGACGCT AGGGGCCCCG 60
 AAGGGAAACT GCGAGGCGAA GGTGACCGGG GACCGAGCAT TTCAGATCTG CTCGGTAGAC 120
 CTGGTGCACC ACCACCATGT TGGCTGCAAG GCTGGTGTGT CTCCGGACAC TACCTTCTAG 180
 GGTTTTCCAC CCAGCTTTCA CCAAGGCCTC CCCTGTTGTG AAGAATTCCA TCACGAAGAA 240
 TCAATGGCTG TTAACACCTA GCAGGGAATA TGCCACCAA ACAAGAATTG GGATCCGGCG 300
 TGGGAGAACT GGCCAAGAAC TCAAAGAGGC AGCATTGGAA CCATCGATGG AAAAAATATT 360
 TAAAATTGAT CAGATGGGAA GATGGTTTGT TGCTGGAGGG GCTGCTGTTG GTCTTGGAGC 420
20 ATTGTGCTAC TATGGCTTGG GACTGTCTAA TGAGATTGGA GCTATTGAAA AGGCTGTAAT 480
 TTGGCCTCAG TATGTCAAGG ATAGAATTCA TTCCACCTAT ATGTACTTAG CAGGGAGTAT 540
 TGGTTTAACA GCTTTGTCTG CCATAGCAAT CAGCAGAACG CCTGTTCTCA TGAACCTCAT 600
 GATGAGAGGC TCTTGGGTGA CAATTGGTGT GACCTTTGCA GCCATGGTTG GAGCTGGAAT 660
 GCTGGTACGA TCAATACCAT ATGACCAGAG CCCAGGCCCA AAGCATCTTG CTTGGTTGCT 720
25 ACATTCTGGT GTGATGGGTG CAGTGGTGGC TCCTCTGACA ATATTAGGGG GTCCTCTTCT 780
 CATCAGAGCT GCATGGTACA CAGCTGGCAT TGTGGGAGGC CTCTCCACTG TGGCCATGTG 840
 TGGCCCCAGT GAAAAGTTTC TGAACATGGG TGCACCCCTG GGAGTGGGCC TGGGTCTCGT 900
 CTTGTGTGCC TCATTGGGAT CTATGTTTCT TCCACCTACC ACCGTGGCTG GTGCCACTCT 960
 TTA CTAGT GCAATGTACG GTGGATTAGT TCTTTTCAGC ATGTTCCCTC TGTATGATAC1020
30 CCAGAAAGTA ATCAAGCGTG CAGAAGTATC ACCAATGTAT GGAGTTCAAA AATATGATCC1080
 CATTAAC TCG ATGCTGAGTA TCTACATGGA TACATTAAAT ATATTTATGC GAGTTGCAAC1140
 TATGCTGGCA ACTGGAGGCA ACAGAAAGAA ATGAAGTGAC TCAGCTTCTG GCTTCTCTGC1200
 TACATCAAT ATCTTGTTTA ATGGGGCAGA TATGCATTAA ATAGTTTGTA CAAGCAGCTT1260
 TCGTTGAAGT TTAGAAGATA AGAAACATGT CATCATATTT AAATGTTCCG GTAATGTGAT1320
35 GCCTCAGGTC TGCCCTTTTTT TCTGGAGAAT AAATGCAGTA ATCCTCTCCC AAATAAGCAC1380
 ACACATTTTC AATTCTCATG TTTGAGTGAT TTTAAATGT TTTGGTGAAT GTGAAACTA1440
 AAGTTGTGT CATGAGAATG TAAGTCTTTT TTCTACTTTA AAATTTAGTA GGTTCAGTGA1500
 GTAAC TAAAA TTAGCAAAC CTGTGTTTGC ATATTTTTTT GGAGTGCAGA ATATTGTAAT1560
 TAATGTCATA AGTGATTTGG AGCTTTGGTA AAGGGACCAG AGAGAAGGAG TCACCTGCAG1620
40 TCTTTTGT TTTTAAATAC TTAGA ACTTA GCATTGTGT TATTGATTAG TGAGGAGCCA1680
 GTAAGAAACA TCTGGGTATT TGGAACAAG TGGTCATTGG TTACATTCAT CTGCTGAACT1740
 TAACAAAAC GGTTCATCC TGGAACAGGG CACAGGTGAA TGCATTCTCT CTGCGGTTGG1800
 CTCCCAGTG GCCCGCCTTC CCATATAGGA TGTGGG 1836
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1220 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 271:

```

TGAAGTTCTA AGAGCTTTCC AAGTTTGGGA AGGTGTCCGG GTTTTCTGCG ATTACTTCTC 60
TGAGCATGAA CGGAAGTCAC CCTTTGTGCC TTATGCGGTG ATTTTAATGA TAGGTGTCAT 120
15 ATATAGGACG GAGTAATCTG TTTACATTCT GTTCTTCTCG ATGCACTCAC AAGCGGGTAA 180
CTAGGTGACA AGAAAACAAA GATCTTATTC AAAAGAGGTC TTACAGCAAC CCAACGTCTC 240
ATCTTCCCAT AGTAAAGATG ACGGCGCCTT GAGGTAAGCT ACAGGCAACA CCACTTCCGC 300
GTTTCTCTTG CGCCCTGGTC CAAGATGGCG GATGAAGCCA CGCGACGTGT TGTGTCTGAG 360
ATCCCGGTGC TGAAGACTAA CGCCGGACCC CGAGATCGTG AGTTGTGGGT GCAGCGACTG 420
20 AAGGAGGAAT ATCAGTCCCT TATCCGGTAT GTGGAGAACA ACAAGAATGC TGACACGAT 480
TGGTTCGGAC TGGAGTCCAA CAAGGAAGGA ACTCGGTGGT TTGGAAATG CTGGTATATC 540
CATGACCTCC TGAATATGA GTTTGACATC GAGTTTGACA TTCCTATCAC ATATCCTACT 600
ACTGCCCCAG AAATTGCAGT TCCTGAGCTG GATGGAAAGA CAGCAAAGAT GTACAGGGGT 660
GGCAAATAT GCCTGACGGA TCATTTCAAA CCTTTGTGGG CCAGGAATGT GCCCAAATTT 720
25 GGACTAGCTC ATCTCATGGC TCTGGGGCTG GGTCCATGGC TGGCAGTGGA AATCCCTGAT 780
CTGATTGAGA AGGGCGTCAT CCAACACAAA GAGAAATGCA ACCAATGAAG AATCAAGCCA 840
CTGAGGCAGG GCAGAGGGAC CTTTGATAGG CTACGATACT ATTTTCCTGT GCATCACACT 900
TAACTCATCT AACTGCTTCC CCGGACACCC TCCACCTCTA GTTGTTACTA AGTAGCTGCA 960
GTAGGCATTG CTGGGGAAGA AACAAACACA CACCAAACAG TACTGCTACT TAGTTTCTAA1020
30 GGCTGCACAG GGAAGGGAAA GACTGGGCTT TGGACAATCT AGAGGTAATT TATATCCGCC1080
CCAGGTGGA GCAACATGCG ATTCTGGAGG CACGGGGGTA ACTGAAAGTG AGTACATATA1140
GTCTTTCTGG TTTCTGGAGA TAACCCATCA ATAAAAGCTG CTTCCCTCTG TAAAAAAA1200
AAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1220
```

35 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1303 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 272:

```

5 CGCAGTGGCG AGGCGTGCGG CTCTCTCCTT GTCAGTCGGC GCCGCGTGCG GGCTGGTGCG 60
 TCTGTGGCAG CGGCGGCGGC AGGACTCCGG CACTATGAGC GGCTTCAGCA CCGAGGAGCG 120
 CGCCGCGCCC TTCTCCCTGG AGTACCGAGT CTTCTCATAA AATGAGAAAG GACAATATAT 180
 ATCTCCATTT CATGATATTC CAATTTATGC AGATAAGGAT GTGTTTCACA TGGTAGTTGA 240
 AGTACCACGC TGGTCTAATG CAAAAATGGA GATTGCTACA AAGGACCCTT TAAACCCTAT 300
 TAAACAAGAT GTGAAAAAAG GAAAACTTCG CTATGTTGCG AATTTGTTCC CGTATAAAGG 360
10 ATATATCTGG AACTATGGTG CCATCCCTCA GACTTGGGAA GACCCAGGGC ACAATGATAA 420
 ACATAGTGGC TGTGTGGTG ACAATGACCC AATTGATGTG TGTGAAATTG GAAGCAAGGT 480
 ATGTGCAAGA GGTGAAATAA TTGGCGTGAA AGTTCTAGGC ATATTGGCTA TGATTGACGA 540
 AGGGGAAACC GACTGGAAG TCATTGCCAT TAATGTGGAT GATCCTGATG CAGCCAATTA 600
 TAATGATATC AATGATGTCA AACGGCTGAA ACCTGGCTAC TTAGAAGCTA CTGTGGACTG 660
15 GTTTAGAAGG TATAAGGTTT CTGATGGAAA ACCAGAAAAT GAGTTTGCGT TTAATGCAGA 720
 ATTTAAAGAT AAGGACTTTG CCATTGATAT TATTTAAAGC ACTCATGACC ATTGGAAAGC 780
 ATTAGTGACT AAGAAAACGA ATGAAAAGG AATCAGTTGC ATGAATACAA CTTTGTCTGA 840
 GAGCCCTTC AAGTGTGATC CTGATGCTGC CAGAGCCATT GTGGATGCTT TACCACCACC 900
 CTGTGAATCT GCCTGCACAG TACCAACAGA CGTGGATAAG TGGTTCCATC ACCAGAAAAA 960
20 CTAATGAGAT TTCTCTGGAA TACAAGCTGA TATTGCTACA TCGTGTTTCA CTGGATGTAT1020
 TAGAAGTAAA AGTAGTAGCT TTTCAAAGCT TTAAATTTGT AGAACTCATC TAACTAAAGT1080
 AAATTCTGCT GTGACTAATC CAATATACTC AGAATGTTAT CCATCTAAAG CATTTTTTCAT1140
 ATCTCAACTA AGATAACTTT TAGCACATGC TTAAATATCA AAGCAGTTGT CATTTGGAAG1200
 TCACCTGTGA ATAGATGTGC AAGGGGAGCA CATATTGGAT GTATATGTTA CCATATGTTA1260
25 GGAAATAAAA TTATTTTGCT GAACTTGGA AAAAAAAAAA AAA 1303

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1586 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

45

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 273:

50

```

 CGGCTCGAGC GGCTCGAGAT TCGAGGTCGT GGTGGTCTTG GAAGAGCGTC GAGGGGGCCG 60
 TGGACGTGGA ATGGGCCGAG GAGATGGATT TGATTCTCGT GGCAAACGTG AATTGATAG 120
 GCATAGTGGA AGTGATAGAT CTGGCCTGAA GCACGAGGAC AAACGTGGAG GTAGCGGATC 180
55 TCACAATGG GGAACGTGCA AAGACGAATT AACAGAGTCC CCCAAATACA TTCAGAAACA 240
 AATATCTTAT AATTACAGT ACTTGGATCA ATCAAATGTG ACTGAGGAAA CACCTGAAG 300
 TGAAGAACAT CATCCAGTGG CAGACACTGA AAATAAGGAG AATGAAGTTG AAGAGGTAAA 360

```

AGAGGAGGGT CCAAAAAGAGA TGACTTTGGA TGAGTGGAAG GCTATTCAAA ATAAGGACCG 420  
GGCAAAAGTA GAATTTAATA TCCGAAAACC AAATGAAGGT GCTGATGGGC AGTGGAAGAA 480  
GGGATTTGTT CTTCATAAAT CAAAGAGTGA AGAGGCTCAT GCTGAAGATT CGGTTATGGA 540  
CCATCATTTT CGGAAGCCAG CAAATGATAT AACGTCTCAG CTGGAGATCA ATTTTGGAGA 600  
5 CCTTGGCCGC CCAGGACGTG GCGGCAGGGG AGGACGAGGT GGACGTGGGC GTGGTGGGCG 660  
CCCAAACCGT GGCAGCAGGA CCGACAAGTC AAGTGCTTCT GCTCCTGATG TGGATGACCC 720  
AGAGGCATT CAGCTCTGG CTTAACTGGA TGCCATAAGA CAACCCTGGT TCCTTTGTGA 780  
ACCTTCTGT TCAAAGCTTT TGCATGCTTA AGGATTCCAA ACGACTAAGA AATTAATAA 840  
AAAAAGACTG TCATTCATAC CATTACACACC TAAAGACTGA ATTTTATCTG TTTTAAAAAT 900  
10 GAAC TTCTCC CGCTACACAG AAGTAACAAA TATGGTAGTC AGTTTTGTAT TTAGAAATGT 960  
ATTGGTAGCA GGGATGTTTT CATAATTTTC AGAGATTATG CATTCTTCAT GAATACTTTT 1020  
GTATTGCTGC TTGCAAATAT GCATTCCAA ACTTGAAATA TAGGTGTGAA CAGTGTGTAC 1080  
CAGTTTAAAG CTTTCACTTC ATTTGTGTTT TTTAATTAAG GATTTAGAAG TTCCCCCAAT 1140  
TACAACTGG TTTTAAATAT TGGACATACT GGTTTTAATA CCTGCTTTGC ATATTCACAC 1200  
15 ATGGTCAACT GGGACATGTT AAAC TTGAT TTGTCAAAT TTATGCTGTG TGGAATACTA 1260  
ACTATATGTA TTTTAACTTA GTTTAATAT TTTCATTTTT GGGGAAAAAT CTTTTTTCAC 1320  
TTCTCATGAT AGCTGTTATA TATATATGCT AAATCTTTAT ATACAGAAAT ATCAGTACTT 1380  
GAACAAATTC AAAGCACATT TGGTTTATTA ACCCGTGGCT GCCCTGGCAT GGGGCCCAT 1440  
TGGGGTCCAA ATTATAACTG ATTTACATTT TCAGCGATAT TACTTTTAAA TGCCTGAGTT 1500  
20 CCCATTTAAA ATCTAACTAG ACACCTAATG GGGAAGTGGT TAACCACTAT GTGGTAGCCA 1560  
CGGGCCAG 1568

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

- 25 (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

KQVKCAKVS LFLFYCAI DSCIWFNAG SSWLSSVT LW SMSSVLSAS NVGRVRIKSE 60  
GCSTGDKLSL GVPASKATEP ISFRRRSSCS LCCWLSALAS DFFRRSYSGR YLSYSSAAL 120  
VTCTKSSNP VPRTAETPTT LSEL 144

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

- 50 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

```

Name: 275 Len: 143 Check: 15DA
MSLVLDEFYS SLRVGVSAV LGTGLDELfV QVTSAAEEYE REYRPEYERL KKSLANAESQ 60
10 QQREQLERLR KDMGSVALDA GTPKDSLSPV LHPSDLILTR PTLEADSDTD DIDHRVTEES120
HEEPAFQNFM QESMAQYWKR NNK 143

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

15 (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60  
SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DQCIQKFLDI ARQTECFFLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120  
LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180  
35 T 181

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

40 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) **HYPOTHETISCH: ja**

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

NELIIWQRVL PKCQVHRKEC VANLTHQPTH RPTASALCSR WLQRCRDVGR CLLQVGQGAL60  
RDVGGLFVLH VDVLLQHLLPM PQLCQVLLD 89

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

5

- (A) LÄNGE: 401 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

MPNFCAPNC TRKSTQSDLA FFRFPRDPAR CQKWVENCRR ADLEDKTPDQ LNKHYRLCAK 60  
HFETSMICRT SPYRTVLRDN AIPTIFDLTS HLNNPHSRHR KRIKELSEDE IRTLKQKKID120  
25 ETSEQEQKHK ETNNSNAQNP SEEEGEGQDE DILPLTLEEK ENKEYLKSLE EILILMGKQN180  
IPLDGHEADE IPEGLFTP DN FQALLECRIN SGEEVLRKRF ETTAVNTLFC SKTQQRQMLE240  
ICESCIREEET LREVRDSHFF SIITDDVVDI AGEHLPVLV RFVDESHNLR EEFIGFLPYE300  
ADAEILAVKF HTMITKMWGL NMEYCRGQAY IVSSGFSSKM KVVASRLLEK YPQAIYTLCS360  
SCALNMWLAK SVPVMGVSA LGTIEEVCSF FHXITTTAFR T 401

30

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 35 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
  - (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

MLISGTLSHG TTQIQYXXEE HHADMYRSDL PNPDTLSAEL HCWRIKWKHR GKDIELPSTI 60  
YEALHLPDIK FFPNVYALLK VLCILPVMKV ENERYENGTK ASLKHI 106

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:



- (A) LÄNGE: 398 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

GRKCNKFWDN AQTSGIEEPS ETKGSMQKSK FKYKLVPEEE TTASENTEIT SERQKEGIKL 60  
TIRISSRKKK PDSPPKVLEP ENKQEKTEKE EEKTNVGR TL RRSPRISRPT AKVAEIRDQK120  
20 ADKKRGEDED EEEEEESTALQ KTDKKEILKK SEKDTNSKVS KVKPKGKVRW TGSRTGRWK180  
YSSNDESEGS GSEKSSAASE EEEEEKESEE ILADDDEPCK KCGLPNHPEL ILLCDSCDSG240  
YHTACLRPPL MIIPDGEWFC PPCQHKLLCE KLEEQLQDLD VALKKKERAE RRKERLVYVG300  
ISIENIIPPQ EPDFSEDQEE KKKDSKKS KA NLLERRSTRT RKCISYRFDE FDEAIDEAIE360  
25 DDIKEADGGG VGRGKDISTI TGHGKDIST ILDEKIIT 398

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

45 SSEKSGSCGG MMFSILIPTY TKRSFLRSAR SFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60  
SPSGMIIRGG RRQAVWYPLS QESHRRISG WFGPHFLHG SSSSARMAS LSFSSSSSEA120  
ADDFSLPDPS LSSLLEYFHL PRVREPVRHT LPLGFTLLTL EFVSFSDFEK ISFLSVFCKA180  
VDSSSTSSSP SPLFLSAF 198

50 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

- (A) LÄNGE: 202 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

15 GRLPFSGRGR GKKVTS GDGV ASLPLKLGR L FGGVTRGFNM RIEKCYFCSG PIYPGHGMMF 60  
VRNDCKVFRF CKSKCHKNF KKRNP RKVRW TKAFRKAAGK ELTVDNSF EF EKRRNEPIKY120  
QRELWNKTID AMKRVEEIQ KRQAKFIMNR LKKNKELQKV QDIKEVKQNI HLIRAPLAGK180  
GKQLEEKMVQ QLQEDVDMED AP 202

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
:  
35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

40 IIHCKLFTSC FPECFGPPNF ARIALLFKVF MTFRFAKSEH LAIVADEHHA VSRIDGPRTE60  
ITLFDTHVEP ACNPTKQTPK LERK 84

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

(A) LÄNGE: 206 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

10 RLEPRSVTRS RRAVSRLSAR PGKVSAMAF LASGPYLTHQ QKVLRLYKRA LRHLESWCVQ 60  
RDKYRYFACL MRARFEEHKN EKDMAKATQL LKEAEEEFWY RQHPQPYIFP DSPGGTSYER120  
YDCYKVPWC LDDWHPSEKA MYPDYFAKRE QWKKLRRESW EREVKQLQEE TPPGGPLTEA180  
LPPARKEGDL PPLWWYIVTR PRERPM 206

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

15 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

35 PLVPSFPSAV SSTVLWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCAV 60  
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120  
TPFADGSGRV PTPRTPLRR 139

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

40 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF  
45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLD SSWSGVIPFF FSCSCLPFLY60  
PPRWRQIHD L KDTQYLLNSS 80

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

5

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLD SSWSGVIPFF FSCSCLPFLY60  
PPKWRQIHD L KDTQYLLNSS 80

25

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

45

RLSCAGT LSG SGPHPSRRLT QGRWVRKSRV AMEKIPVSAF LLLVALSYTL ARDTTVKPGA 60  
KKDTKDSRPK LPQTLSRGWG DQLIWTQTYE EALYKSKTSN KPLMIIHLD ECPHSQALKK120  
VFAENKEIQK LAEQFVLLNL VYETTDKHL S PDGQYVPRIM FVDPSLTVRA DITGRYSNRL180  
YAYEPADTAL LLDNMKKALK LLKTEL 206

50

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

15 GNPELPWRKF QCQHSCSLWP SPTLWPEIPQ SNLEPKRTQR TLDPNCPRPS PEVGVTNSSG60  
LRHMKKLYIN PRQATNP 77

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

20 (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

35

GGXGXQLLXP XAXQGXPAA S CXXQDVHLXR CXTVVRWYQR ITGMPXXAPT RNFSKFQRXV 60  
MDLHGFPKEX GXEXQEXLQ WEGRSSSGKC RISXSXLPSX TIXXFLKXXW XXIRXQSPXT120  
40 WXR TYLRLGS ISEFSPGSCL PNWLE GKPRM TXAKWP KFFL 160

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

RHXPLXLGXH GHRAHSCLGW SQXALWDXAW GLXXXGSXQX RKKEAXWCVX VGXVGXCXXP 60  
XEXMXXGFEE NXXGFXNXXV SXLGXXXWNR XAEKNMXGCC AKXVNXMDH XXGFQXRQIR120  
GLCSHAHTGX NCHVSXSGSD TQLCXGLSFM 150

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

RAAKILKGGL QEVAEQLELE RIGPQHQAGS DSLTGMFAFF KMREFFEDH IDDAKYCGHL60  
YGLGSGSSYV QNGTGNAYEE EANKQS 86

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

IKAKFNLNAF FFFFLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLIVRGIQ PEIKPIYKHV60  
CSSK 64

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

- 5 (A) LÄNGE: 226 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

20 ASTIMDLLFG RRTPEELLR QNQRALNRAM RELDRERQKL ETQEKKIAD IKKMAQGGQM 60  
DAVRIMAKDL VRTRYVRKF VLMRANIQAV SLKIOTLKSN NSMAQAMKGV TKAMGTMNRQ120  
LKLPQIQKIM MEFERQAEIM DMKEEMMND A IDDPMGDEED EEESDAVVSQ VLDELGLSLT180  
DELSNLPSTG GSLSVAAGGK KAEAAASALA DADADLEERL KNLRRD 226

## 25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

- 30 (A) LÄNGE: 166 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

45 KILGIHWLSR SGRGTQSLRR FLSRSSRSAS ASARAEAAAS AFFPPAATLS EPPVEGRFDS 60  
SSVRLSPSSS RTWDTTASLS SSSSSSPMGS SMASFISSF ISMISACRSN SIMIFWIWGN120  
FSCLFMVFMA LVTPFMACAI ELLDLSVWIL RDTAWMLARI NTLNLT 166

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

- 50 (A) LÄNGE: 233 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

15 KPEGARRVQF VMGLFGKTQE KPPKELVNEW SLKIRKEMRV VDRQIRDIQR EEEKVKRSVK 60  
DAAKKGQKDV CIVLAKEMIR SRKAVSKLYA SKAHMNSVLM GMKNQLAVLR VAGSLQKSTE120  
VMKAMQSLVK IPEIQATMRE LSKEMMKAGI IEEMLEDTFE SMDDQEEMEE EAEMEIDRIL180  
FEITAGALGK APSKVTDALP EPEPPGAMAA SEDEGEEEEA LEAMQSRLAT LRS 233

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

20

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

40 LMPFQSONLQ ERWLPQMRG RRRKRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60  
ALHLCCEDYH FGEGSVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRSIDRY ILLWGGERNP120  
SAHEALLKI 129

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

(A) LÄNGE: 351 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH



:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

5 TWCTTTMLAA RLVCLRTLPS RVFHPAFTKA SPVVKNSITK NQWLLTPSRE YATKTRIGIR 60  
RGRGTQELKE AALEPSMEKI FKIDQMGRWF VAGGAAVGLG ALCYYGLGLS NEIGAIEKAV120  
IWPQYVKDRI HSTYMYLAGS IGLTALSAIA ISRTPVLMNF MMRGSSWVTIG VTFAAMVGAG180  
MLVRSIPYDQ SPGPKHLAWL LHSVVMGAVV APLTILGGPL LIRAAWYTAG IVGGLSTVAM240  
10 CAPSEKFLNM GAPLGVLGL VEVSSLGSMF LPPTTVAGAT LYSVAMYGGL VLFSMFLLYD300  
TQKVIKRAEV SPMYGVQKYD PINSMLSIYM DTLNIFMRVA TMLATGGNRK K 351

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

15 (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

30

RVAPATVVGG RNIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMERNFSLGA HMATVERPPT MPAVYHAALM 60  
RRGPPNIVRG ATTAPITPEC SNQARCFGPG LWSYGIDRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120  
MKFMRGTGVL IAMDKAVKP ILPAKYI 147

35

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

(A) LÄNGE: 188 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
40 (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

RRLEVSYRQH HFRVSLAPWS KMADEATRRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60  
IRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120  
PELDGKTAKM YRGKGICLTD HFKPLWARNV PKFGLAHLMA LGLGPWLAVE IPDLIQKGV180  
QHKEKCNQ 188

5

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

25 SKFGHIPGPQ RFEMIRQAYF ATPVHLCCLS IQLRNCNFWG SSRICDRNVK LDVKLIFQEV 60  
MDIPAFSKPP SSFLVGLQSE PIVVSILVVL HIPDKGLIFL LQSLHPQLTI SGSGVSLQHR120  
DLRHNTSRGF IRHLGPGRKR NAEVVLPVAY LKAPSSLLWE DETLGCCCKTS FE 172

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

30

(A) LÄNGE: 320 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

50 AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60  
SPFHDIPIYA DKDVFHMOVVE VPRWSNAKME IATKDPLNPI KQDVKKGKLR YVANLFPYKG120  
YIWNYGAIPO TWEDPGHNDK HTGCCGDNDP IDVCEIGSKV CARGEIIGVK VLGILAMIDE180  
GETDWKVIAI NVDDPDAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDGK PENEFAFNAE240  
FKDKDFAIDI IKSTHDHWKA LVTKKTNGKG ISCMNTTLSE SPFKCDPDAA RAIVDALPPP300  
CESACTVPTD VDKWFHHQKN 320

55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
5 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

20 RVLCSNLHFC IRPAWYFNYH VKHILICINW NIMKWRYILS FLIFEEDSVL QGEGRGALLG60  
AEAASAGVL PPPLPQSHQP ARGAD 85

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- 25 (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

40 GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGSGS 60  
HNWGTVKDEL TESPKEYIQKQ ISYNYSDLDQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120  
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAAHEDSVMD180  
45 HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240  
EAFPALA 247

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- 50 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

SFGILKHAKA LNRRVHKGTR VVLWHPVKPE LGMPLGHPHQ EQKHLTCRSC CHGLGAHHAH60  
VHLVLPCTRHV LGGQGLQN 78

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

35 ATRGAEQDGG ASAARPRRRW AGGLLQRAAP CSLLPRLRTW TSSSNRSRED SWLKSLFVRK 60  
VDPKDAHSN LLAKKETSNI YKLQFHNVPK ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHYPCTLVGT120  
WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLLEFS180  
FWNEPVPRSG PNIYELRSYQ LRPGMTIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLYMV240  
HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ 293

40 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

(A) LÄNGE: 208 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

5    AHRNSTALLE GRGLQWDHDS GFHFLNKWNC VIYQFLPAMF VPCCIPYVFP GLKIPVSPKM 60  
      VHHVQLPNLR EESSDGFVTI LSEADCTSPV IAPFNHGWSW ELVRPEFIYI RSGSWHRLIP120  
      ETELQQELIL PGEKHVTSL TKFKQFLIFS EFIHDFCEGW IASFIPPEVD SLVLLAIPRV180  
      PSPHQSTRVV FIFVNLWQHL LTNFVVCF 208

**Patentansprüche**

- 5 1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273
- 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
- oder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- 20 2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
- 25 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 1-123, 258-273, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovarumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 30 4. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, dadurch gekennzeichnet, daß sie auch in Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 35 5. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 40 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 45 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 50 8. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 7 hybridisieren.

9. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
- 5
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 10
11. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20
13. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 25
14. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 12 und 13, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30
15. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 35
16. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 15 erhältlich ist.
- 40
17. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45
18. Wirtszelle gemäß Anspruch 17, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 50
19. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 17 oder 18, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

20. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 17 bis 19 kultiviert werden.
- 5 21. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 kodiert wird, das gemäß Anspruch 20 erhältlich ist.
- 10 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 15 23. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
24. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307.
- 20 25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 25 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 30 27. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.
- 35 28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 in einem Phage Display Verfahren.
- 40 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß Anspruch 3 in einem Phage Display Verfahren.
- 45 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom.
- 50 31. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.



32. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 in sense oder antisense Form.
- 5 33. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Ovarialkarzinom.
- 10 34. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.
- 15 35. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 124-257, 274-307.
- 20 36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 25 37. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 30 38. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273.
- 35 39. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 36, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 40 40. Verwendung gemäß Anspruch 39, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
41. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

1/10

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

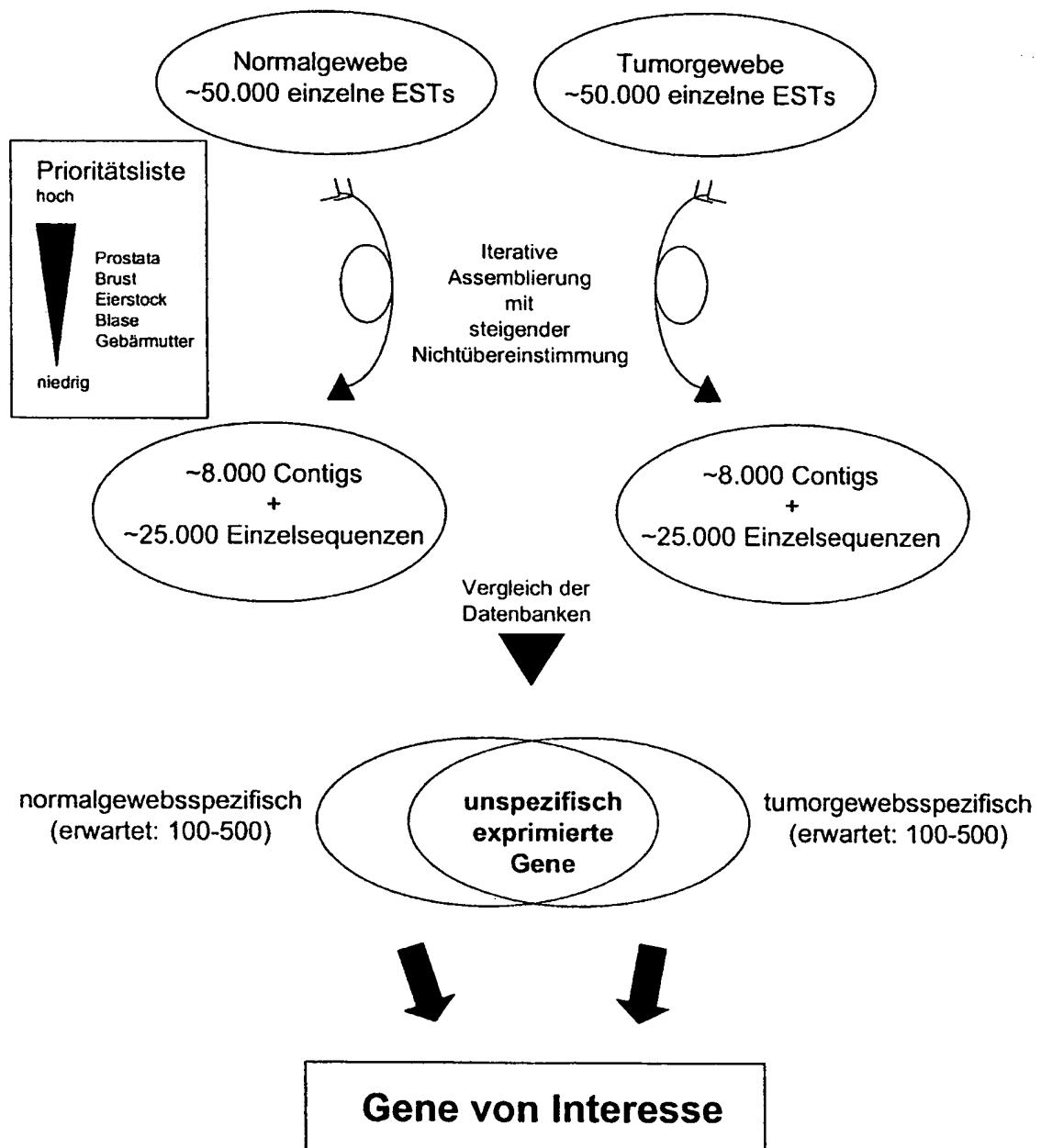


Fig. 1

2/10

## Prinzip der EST-Assemblierung

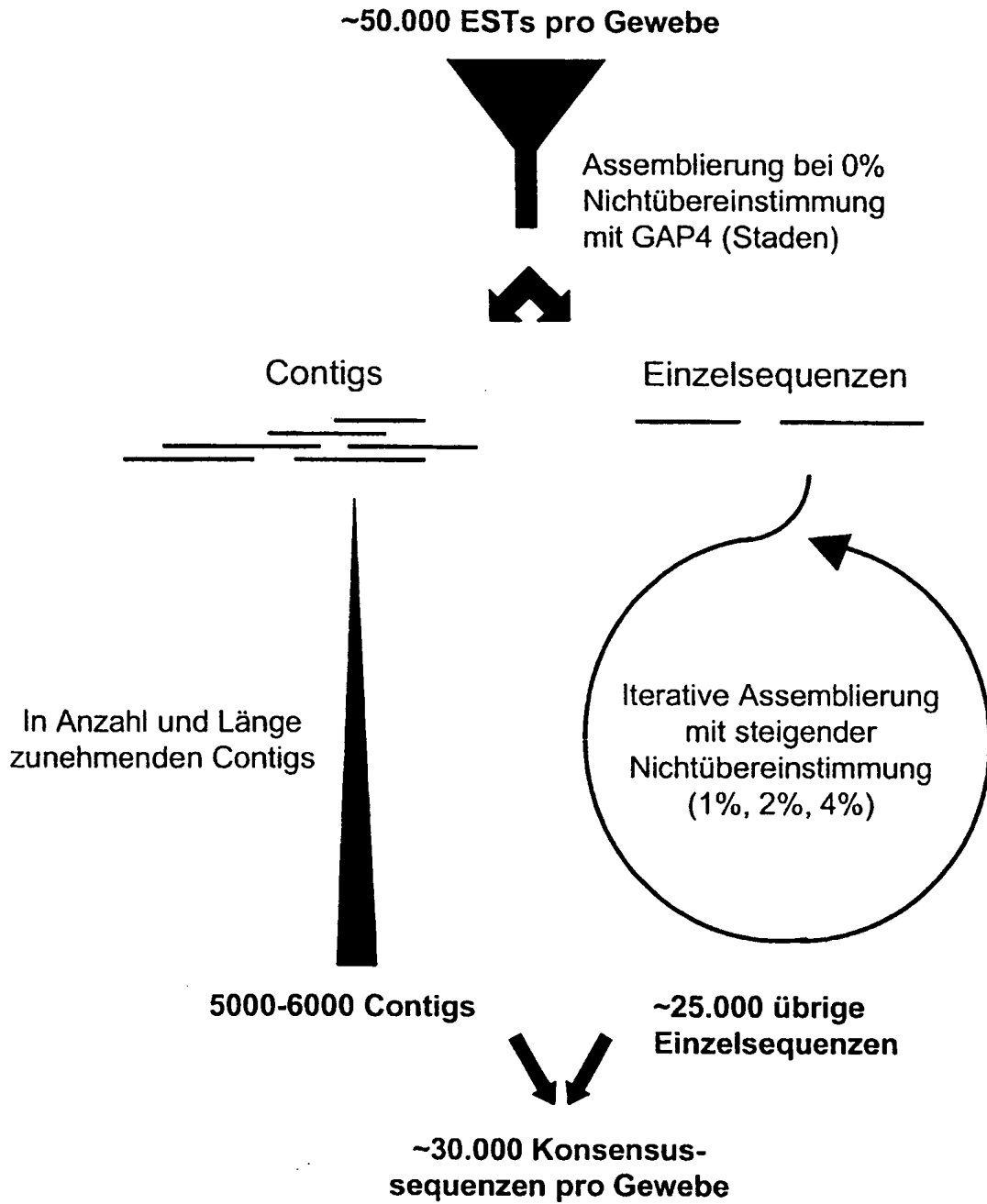


Fig. 2a

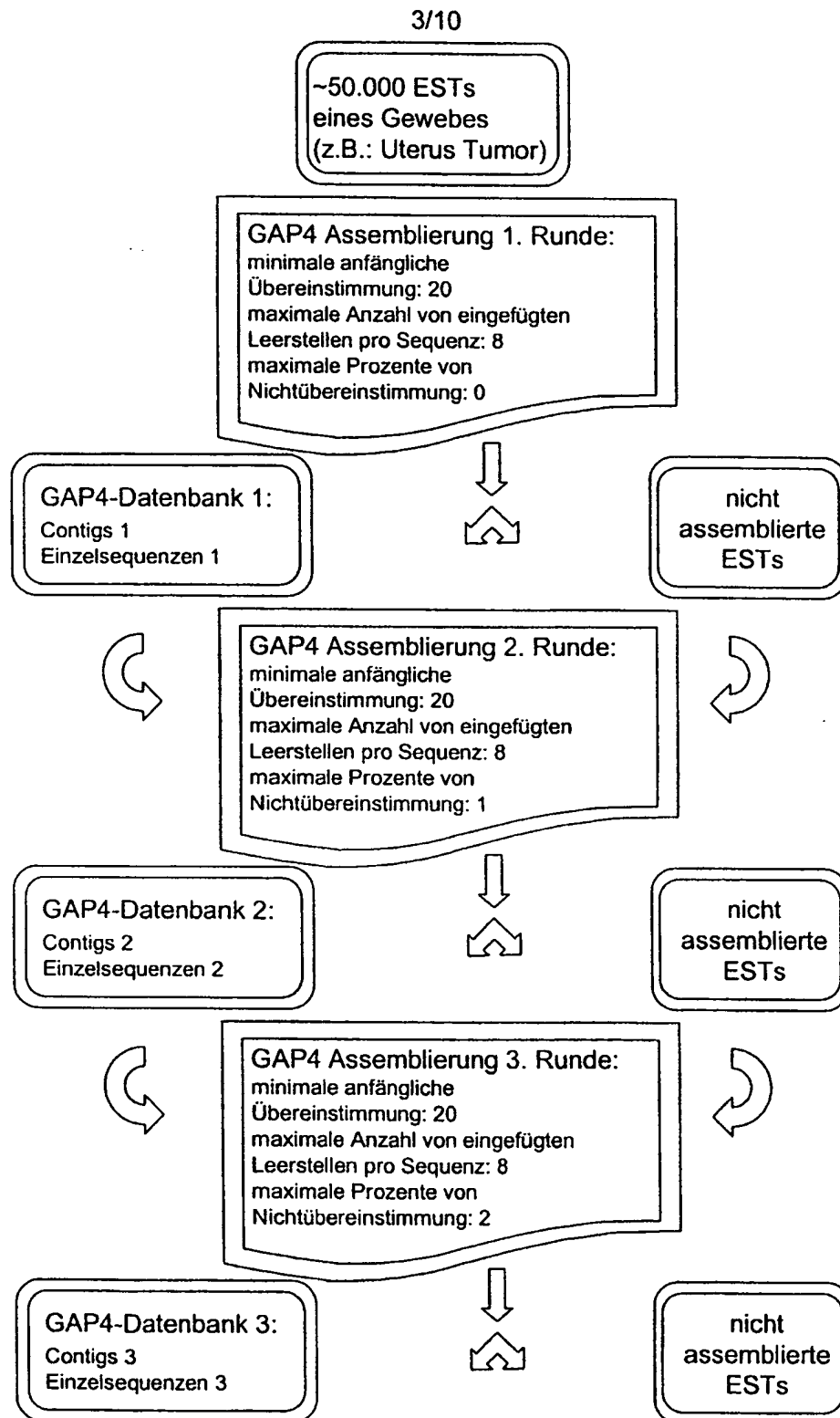


Fig. 2b1

4/10

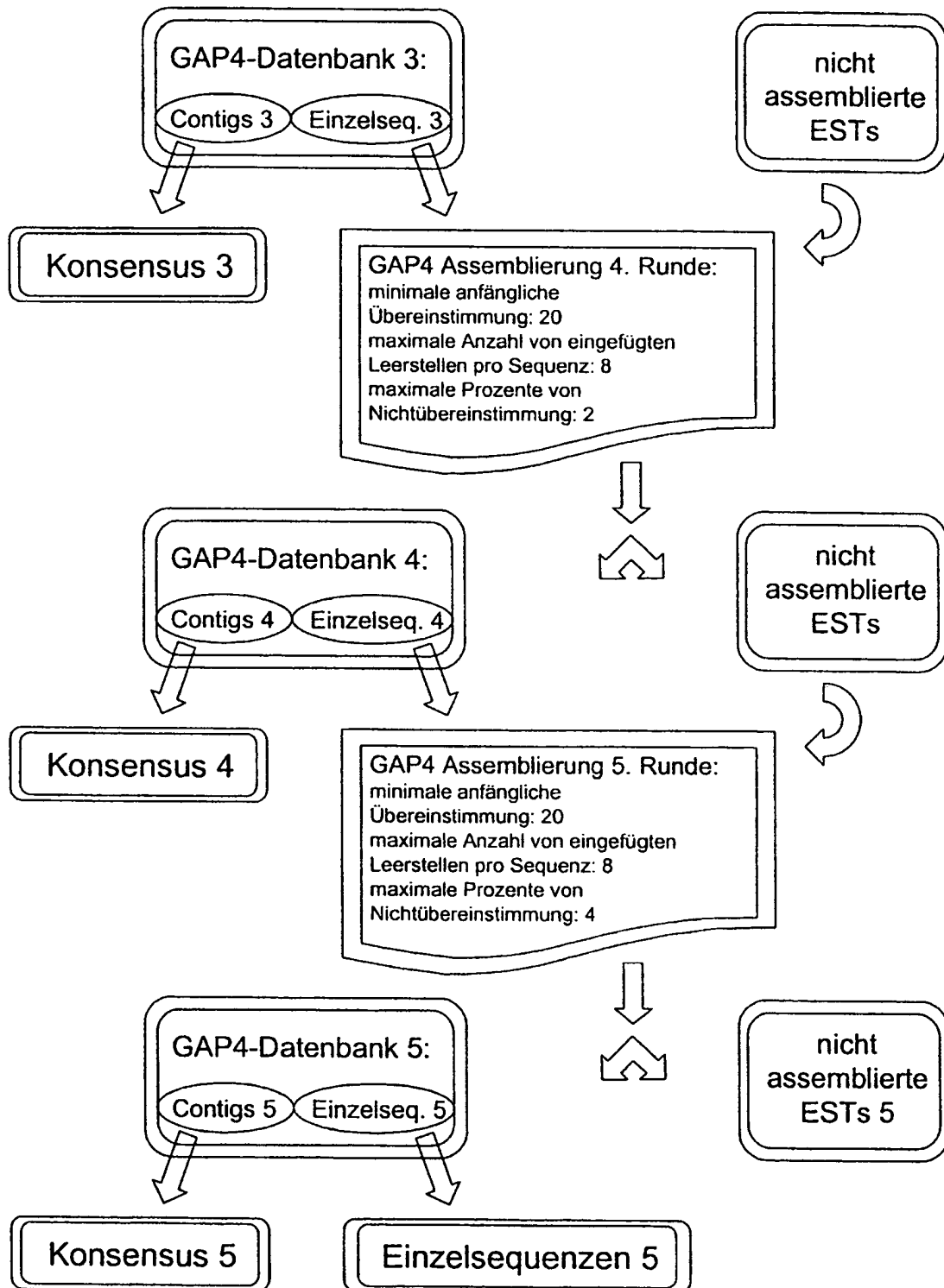


Fig. 2b2

5/10

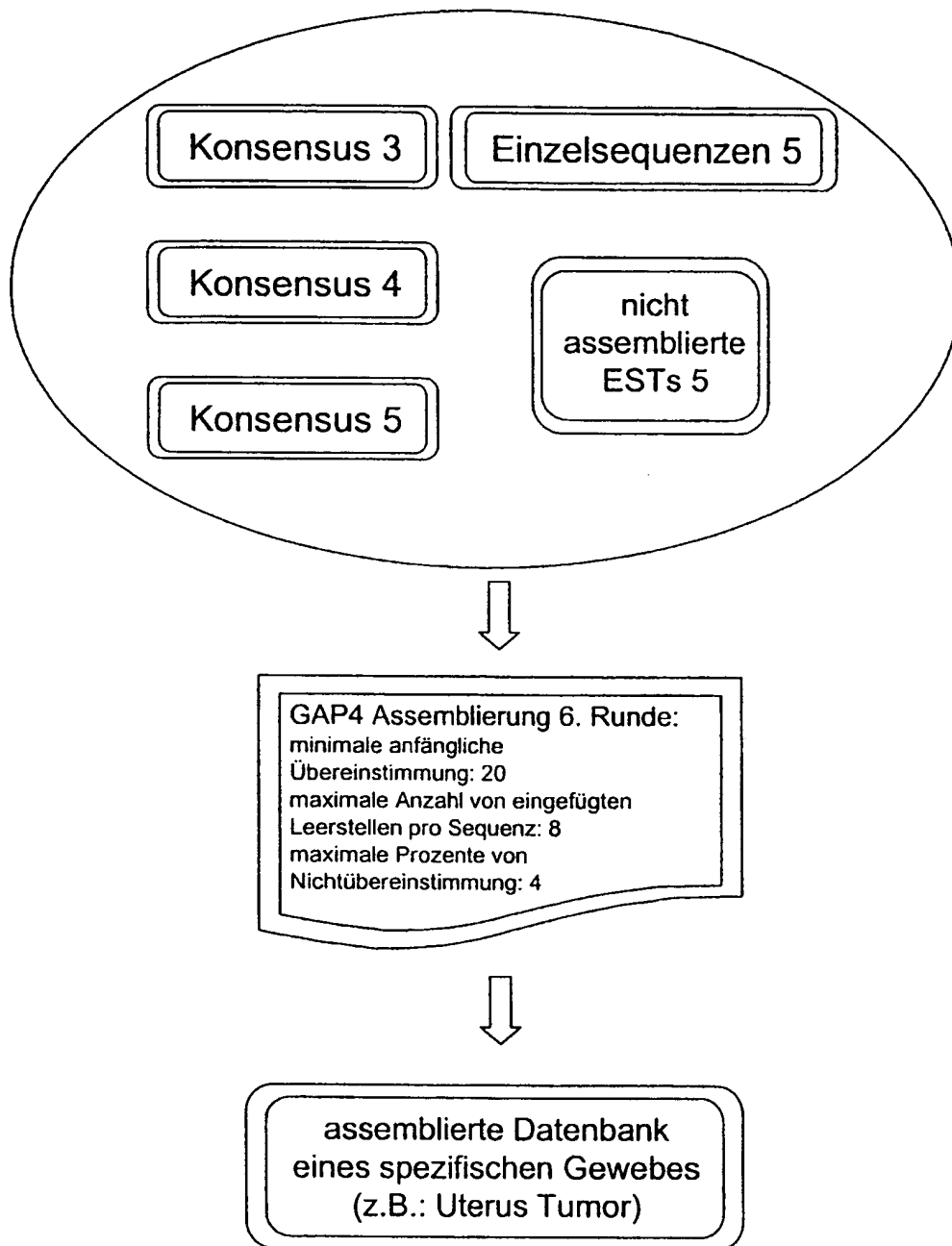


Fig. 2b3

6/10

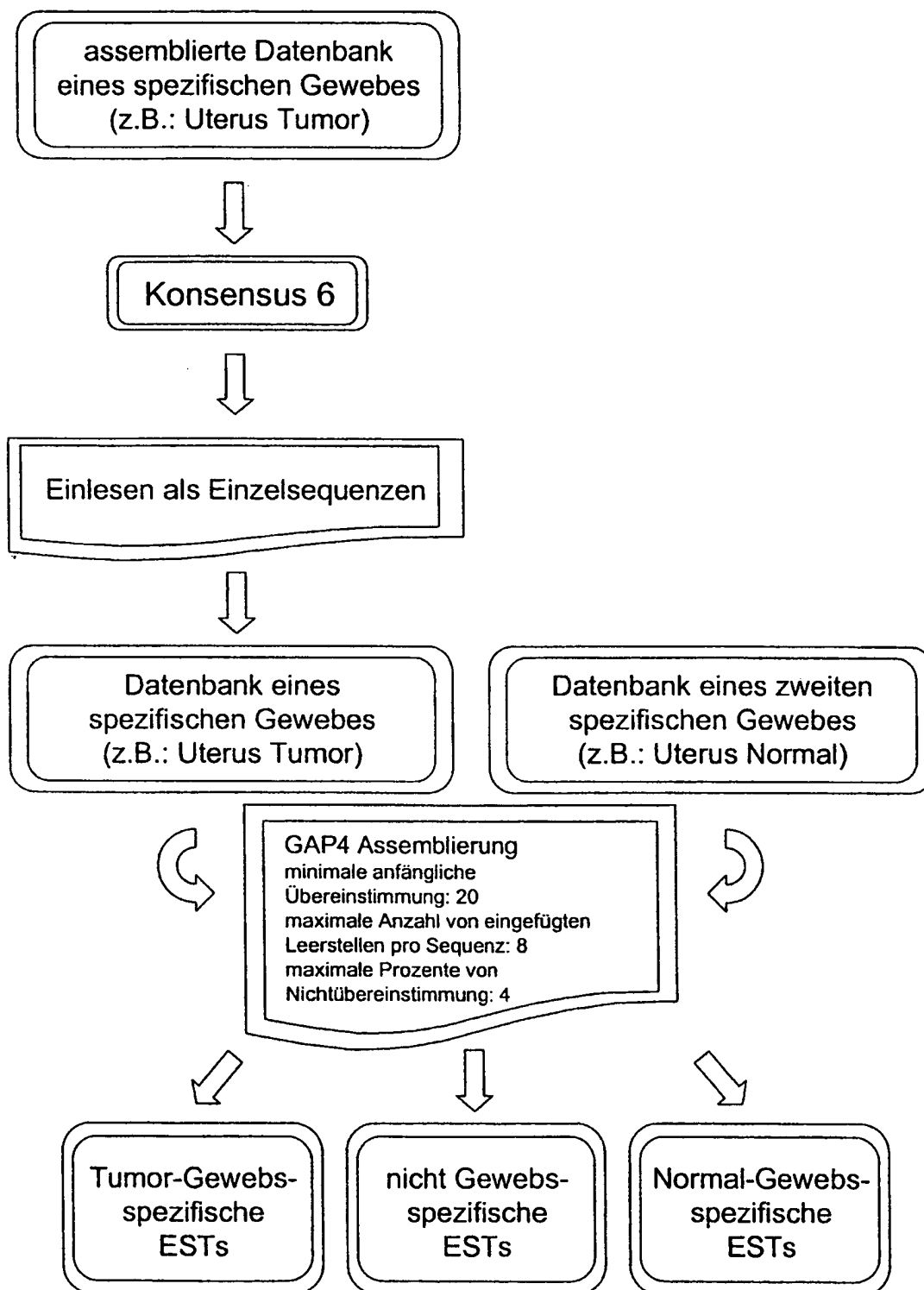


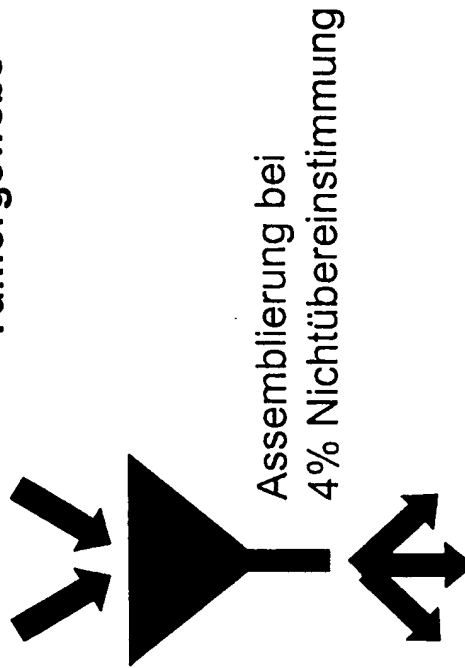
Fig. 2b4

7/10

# **In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben**

**~30.000 Konsensussequenzen  
Normalgewebe**

**~30.000 Konsensussequenzen  
Tumorgewebe**



**Assemblierung bei  
4% Nichtübereinstimmung**

**Normalgewebe  
Spezifische Gene**

**Krebsgewebe  
Spezifische Gene**

**In beiden Geweben  
exprimierte Gene**

Fig. 3



8/10

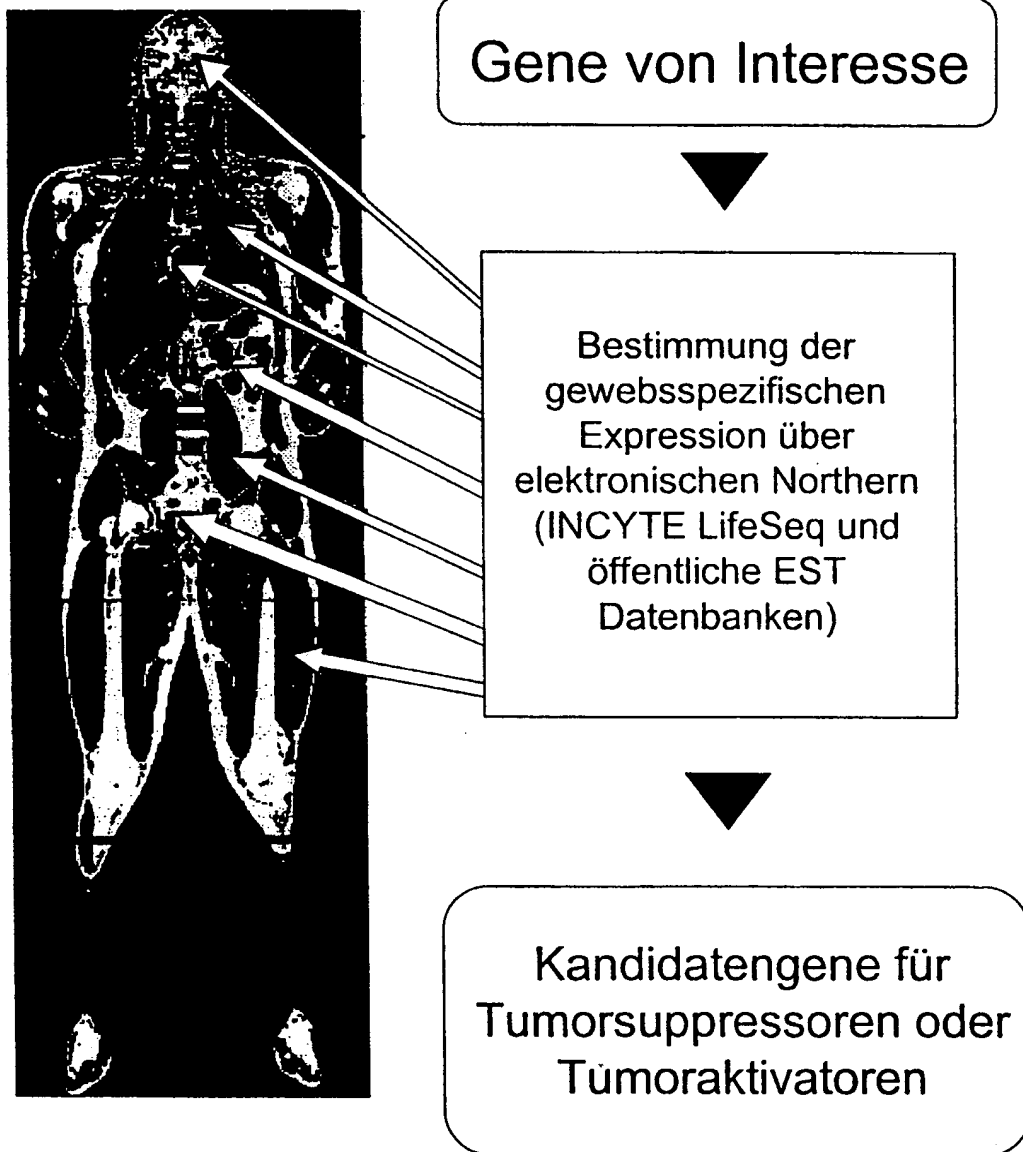


Fig. 4a

9/10

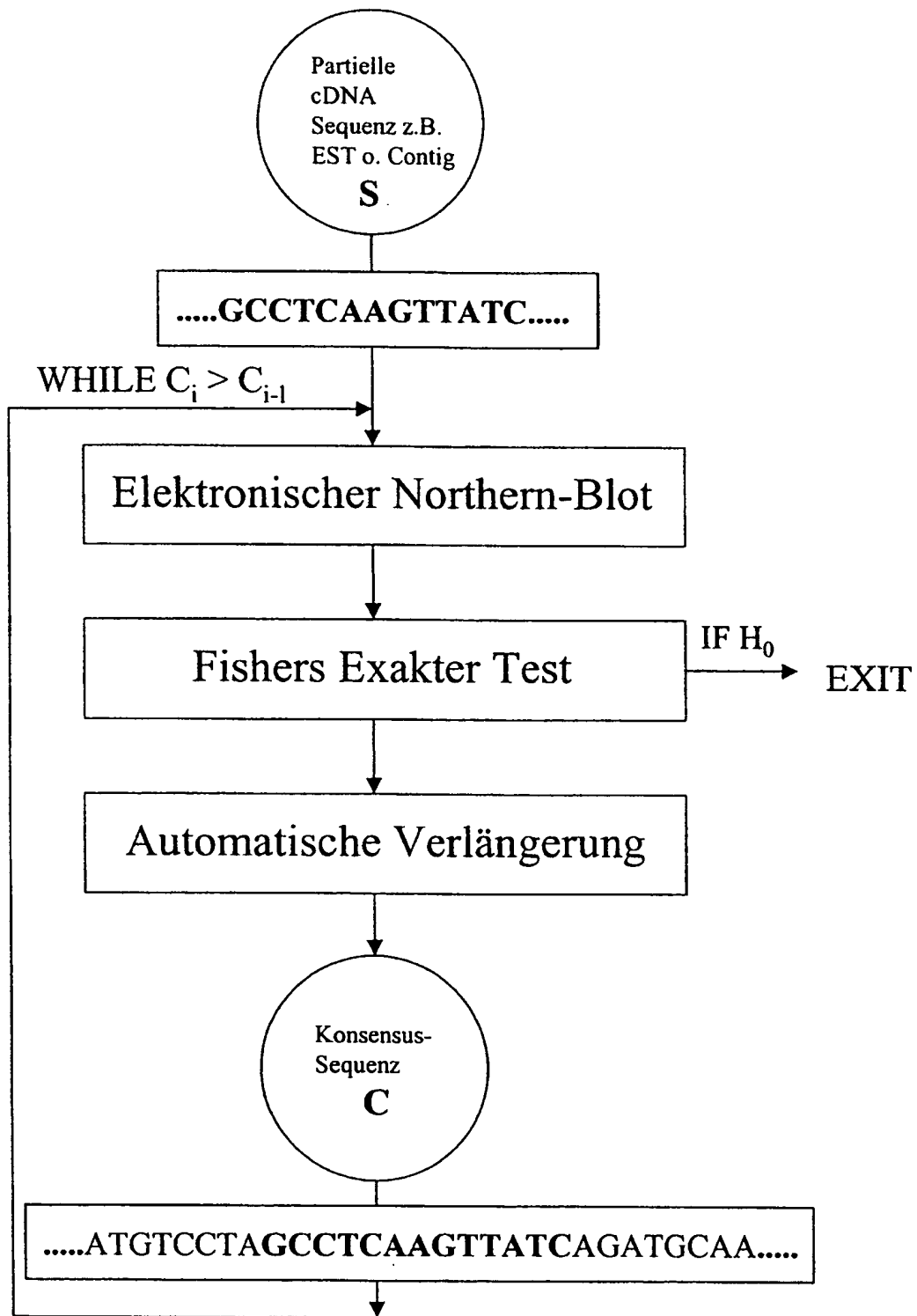


Fig. 4b

10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5